



## Open Archive TOULOUSE Archive Ouverte (OATAO)

OATAO is an open access repository that collects the work of Toulouse researchers and makes it freely available over the web where possible.

This is an author-deposited version published in : <http://oatao.univ-toulouse.fr/Eprints> ID : 14440

**To cite this version :**

Guillemot, Clémence. *Performances de reproduction de l'élevage canin en France*. Thèse d'exercice, Médecine vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse - ENVT, 2015, 116 p.

Any correspondance concerning this service should be sent to the repository administrator: [staff-oatao@inp-toulouse.fr](mailto:staff-oatao@inp-toulouse.fr).

ANNEE 2015 THESE : 2015 – TOU 3 – 4060

---

# PERFORMANCES DE REPRODUCTION DE L'ELEVAGE CANIN EN FRANCE

---

THESE  
pour obtenir le grade de  
DOCTEUR VETERINAIRE

DIPLOME D'ETAT

*présentée et soutenue publiquement  
devant l'Université Paul-Sabatier de Toulouse*

*par*

**GUILLEMOT Clémence**  
Née, le 18 octobre 1990 à PARIS (75)

---

**Directeur de thèse : Mme Sylvie CHASTANT-MAILLARD**

---

## JURY

PRESIDENT :  
**Mr Olivier PARANT**

Professeur à l'Université Paul-Sabatier de TOULOUSE

ASSESSEURS :  
**Mme Sylvie CHASTANT-MAILLARD**  
**Mr Guy-Pierre MARTINEAU**

Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE  
Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

MEMBRE INVITE :  
**Mme Hanna MILA**

Docteur vétérinaire à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE



**Ministère de l'Agriculture de l'Agroalimentaire et de la Forêt**  
**ECOLE NATIONALE VETERINAIRE DE TOULOUSE**

**Directrice** : **Madame Isabelle CHMITELIN**

**PROFESSEURS CLASSE EXCEPTIONNELLE**

- M. **AUTEFAGE André**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **CLAUW Martine**, *Pharmacie-Toxicologie*
- M. **CONCORDET Didier**, *Mathématiques, Statistiques, Modélisation*
- M. **DELVERDIER Maxence**, *Anatomie Pathologique*
- M. **ENJALBERT Francis**, *Alimentation*
- M. **FRANC Michel**, *Parasitologie et Maladies parasitaires*
- M. **MARTINEAU Guy**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*
- M. **PETIT Claude**, *Pharmacie et Toxicologie*
- M. **REGNIER Alain**, *Physiopathologie oculaire*
- M. **SCHELCHER François**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*

**PROFESSEURS 1° CLASSE**

- M. **BERTAGNOLI Stéphane**, *Pathologie infectieuse*
- M. **BERTHELOT Xavier**, *Pathologie de la Reproduction*
- M. **BOUSQUET-MELOU Alain**, *Physiologie et Thérapeutique*
- M. **DUCOS Alain**, *Zootecnie*
- M. **FOUCRAS Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **GAYRARD-TROY Véronique**, *Physiologie de la Reproduction, Endocrinologie*
- Mme **HAGEN-PICARD Nicole**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **LEFEBVRE Hervé**, *Physiologie et Thérapeutique*
- M. **MEYER Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **SANS Pierre**, *Productions animales*
- Mme **TRUMEL Catherine**, *Biologie Médicale Animale et Comparée*

**PROFESSEURS 2° CLASSE**

- M. **BAILLY Jean-Denis**, *Hygiène et Industrie des aliments*
- Mme **BENARD Geneviève**, *Hygiène et Industrie des Denrées alimentaires d'Origine animale*
- Mme **BOURGES-ABELLA Nathalie**, *Histologie, Anatomie pathologique*
- M. **BRUGERE Hubert**, *Hygiène et Industrie des aliments d'Origine animale*
- Mme **CHASTANT-MAILLARD Sylvie**, *Pathologie de la Reproduction*
- M. **GUERRE Philippe**, *Pharmacie et Toxicologie*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Aviculture et pathologie aviaire*
- M. **JACQUIET Philippe**, *Parasitologie et Maladies Parasitaires*
- M. **LIGNEREUX Yves**, *Anatomie*
- M. **PICAVET Dominique**, *Pathologie infectieuse*

**PROFESSEURS CERTIFIES DE L'ENSEIGNEMENT AGRICOLE**

- Mme **MICHAUD Françoise**, *Professeur d'Anglais*
- M. **SEVERAC Benoît**, *Professeur d'Anglais*

#### MAITRES DE CONFERENCES HORS CLASSE

- M. **BERGONIER Dominique**, *Pathologie de la Reproduction*  
Mme **BOUCLAINVILLE-CAMUS Christelle**, *Biologie cellulaire et moléculaire*  
Mlle **BOULLIER Séverine**, *Immunologie générale et médicale*  
Mlle **DIQUELOU Armelle**, *Pathologie médicale des Equidés et des Carnivores*  
M. **DOSSIN Olivier**, *Pathologie médicale des Equidés et des Carnivores*  
M. **JOUGLAR Jean-Yves**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*  
Mme **LETRON-RAYMOND Isabelle**, *Anatomie pathologique*  
M. **LYAZRHI Faouzi**, *Statistiques biologiques et Mathématiques*  
M. **MATHON Didier**, *Pathologie chirurgicale*  
Mme **PRIYMENKO Nathalie**, *Alimentation*

#### MAITRES DE CONFERENCES (classe normale)

- M. **ASIMUS Erik**, *Pathologie chirurgicale*  
Mme **BENNIS-BRET Lydie**, *Physique et Chimie biologiques et médicales*  
Mlle **BIBBAL Delphine**, *Hygiène et Industrie des Denrées alimentaires d'Origine animale*  
Mme **BOUHSIRA Emilie**, *Parasitologie, maladies parasitaires*  
Mlle **CADIERGUES Marie-Christine**, *Dermatologie*  
M. **CONCHOU Fabrice**, *Imagerie médicale*  
M. **CORBIERE Fabien**, *Pathologie des ruminants*  
M. **CUEVAS RAMOS Gabriel**, *Chirurgie Equine*  
Mme **DANIELS Hélène**, *Microbiologie-Pathologie infectieuse*  
Mlle **DEVIERS Alexandra**, *Anatomie-Imagerie*  
M. **DOUET Jean-Yves**, *Ophthalmologie vétérinaire et comparée*  
Mlle **FERRAN Aude**, *Physiologie*  
M. **GUERIN Jean-Luc**, *Elevage et Santé avicoles et cunicoles*  
M. **JAEG Jean-Philippe**, *Pharmacie et Toxicologie*  
Mlle **LACROUX Caroline**, *Anatomie Pathologique des animaux de rente*  
Mlle **LAVOUE Rachel**, *Médecine Interne*  
M. **LIENARD Emmanuel**, *Parasitologie et maladies parasitaires*  
M. **MAILLARD Renaud**, *Pathologie des Ruminants*  
Mme **MEYNADIER Annabelle**, *Alimentation*  
Mme **MEYNAUD-COLLARD Patricia**, *Pathologie Chirurgicale*  
M. **MOGICATO Giovanni**, *Anatomie, Imagerie médicale*  
M. **NOUVEL Laurent**, *Pathologie de la reproduction (en disponibilité)*  
Mlle **PALIERNE Sophie**, *Chirurgie des animaux de compagnie*  
Mlle **PAUL Mathilde**, *Epidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles et porcins*  
Mme **PRADIER Sophie**, *Médecine interne des équidés*  
M. **RABOISSON Didier**, *Productions animales (ruminants)*  
M. **VOLMER Romain**, *Microbiologie et Infectiologie*  
M. **VERWAERDE Patrick**, *Anesthésie, Réanimation*  
Mme **WARET-SZKUTA Agnès**, *Production et pathologie porcine*

#### MAITRES DE CONFERENCES et AGENTS CONTRACTUELS

- M. **DAHAN Julien**, *Médecine Interne*

#### ASSISTANTS D'ENSEIGNEMENT ET DE RECHERCHE CONTRACTUELS

- Mme **COSTES Laura**, *Hygiène et industrie des aliments*  
Mme **LALLEMAND Elodie**, *Chirurgie des Equidés*  
M. **TANIS Jean-Benoît**, *Anatomie – Imagerie Médicale*

## **Remerciements à Royal Canin**

Tous mes remerciements à Mr Aurélien Grellet pour son aide précieuse et ses réponses à mes nombreuses questions.

Merci à Mme Catherine Boucher et à Mme Cathy-Anne Boehringer pour leur confiance et leurs conseils avisés.

# TABLE DES MATIERES

LISTE DES FIGURES .....	6
LISTE DES TABLEAUX .....	8
PREMIERE PARTIE : INTRODUCTION .....	9
DEUXIEME PARTIE : MATERIEL ET METHODES .....	27
I. <u>DONNEES</u> .....	27
II. <u>OUTILS STATISTIQUES</u> .....	29
A. <u>Variables</u> .....	29
B. <u>Modalités de l'analyse statistique</u> .....	30
TROISIEME PARTIE : RESULTATS .....	32
I. <u>DESCRIPTION DE LA POPULATION</u> .....	32
A. <u>Elevages</u> .....	32
B. <u>Race, format racial et groupe FCI</u> .....	33
1. <u>Race</u> .....	33
2. <u>Format racial</u> .....	36
3. <u>Groupe FCI</u> .....	37
C. <u>Âge de la chienne à la mise à la reproduction</u> .....	37
D. <u>Caractéristiques du mâle</u> .....	39
1. <u>Âge du mâle</u> .....	39
2. <u>Provenance du mâle</u> .....	39
E. <u>Saisonnalité</u> .....	39
1. <u>Saison de saillie</u> .....	39
2. <u>Saison de mise-bas</u> .....	40
II. <u>FERTILITE</u> .....	41
A. <u>Gestation</u> .....	41
1. <u>Influence du format racial</u> .....	41
2. <u>Influence de l'âge de la chienne</u> .....	42
3. <u>Influence du mâle</u> .....	43
a. <u>Influence de l'âge du mâle</u> .....	43
b. <u>Influence de la provenance du mâle</u> .....	44

B. <u>Avortement</u> .....	44
1. <u>Influence du format racial</u> .....	45
2. <u>Influence de l'âge de la chienne</u> .....	46
3. <u>Influence de la saison de saillie</u> .....	47
C. <u>Mise-bas</u> .....	48
1. <u>Influence du format racial</u> .....	49
2. <u>Influence de l'âge de la chienne</u> .....	50
3. <u>Influence du mâle</u> .....	51
a. <u>Influence de l'âge du mâle</u> .....	51
b. <u>Influence de la provenance du mâle</u> .....	52
4. <u>Influence de la saison de saillie</u> .....	52
III. <u>PROLIFICITE</u> .....	54
1. <u>Influence du format racial</u> .....	54
2. <u>Influence de l'âge de la femelle</u> .....	55
3. <u>Influence du père</u> .....	56
a. <u>Influence de l'âge du père</u> .....	56
b. <u>Influence de la provenance du mâle</u> .....	57
IV. <u>MORTALITE</u> .....	59
A. <u>Mortinatalité</u> .....	59
1. <u>Influence du format racial</u> .....	59
2. <u>Influence de l'âge du père</u> .....	60
3. <u>Influence de la taille de la portée</u> .....	61
4. <u>Influence du sex ratio</u> .....	61
B. <u>Mortalité post-natale</u> .....	62
1. <u>Influence du format racial</u> .....	62
2. <u>Influence de la provenance du père</u> .....	63
3. <u>Influence de la taille de portée</u> .....	63
C. <u>Mortalité totale</u> .....	64
1. <u>Influence du format racial</u> .....	64
2. <u>Influence du père</u> .....	65
a. <u>Influence de l'âge du père</u> .....	65



b. <u>Influence de la provenance du père</u> .....	65
3. <u>Influence de la taille de portée</u> .....	66
4. <u>Influence du sex ratio</u> .....	66
V. <u>PERFORMANCES DE REPRODUCTION DES 10 RACES LES PLUS REPRESENTEES</u> .....	67
QUATRIEME PARTIE : DISCUSSION .....	69
I. <u>POPULATION ETUDIEE</u> .....	70
II. <u>GESTATION, AVORTEMENT, MISE-BAS : LA FERTILITE</u> .....	72
III. <u>TAILLE DE PORTEE</u> .....	76
IV. <u>MORTALITE DES CHIOTS</u> .....	78
CONCLUSION .....	82
BIBLIOGRAPHIE .....	83
LISTE DES ANNEXES.....	102
ANNEXES .....	103

# LISTE DES FIGURES

<i>Figure 1. Distribution du nombre de chaleurs enregistrées par élevage (n = 46 393)</i> .....	32
<i>Figure 2. Distribution du nombre de chaleurs enregistrées par chienne (n = 46 393)</i> .....	33
<i>Figure 3. Distribution des formats raciaux (n = 46 393)</i> .....	36
<i>Figure 4. Distribution de l'âge des chiennes à la mise à la reproduction (n = 46 393)</i> .....	38
<i>Figure 5. Distribution de l'âge des mâles (n = 46 393)</i> .....	39
<i>Figure 6. Distribution de la saison de saillie (n = 46 393)</i> .....	40
<i>Figure 7. Distribution de la saison de mise-bas (n = 37 985)</i> .....	40
<i>Figure 8. Rapports de cotes pour la gestation (intervalles de confiance de Wald à 95%)</i> .....	41
<i>Figure 9. Taux de gestation par format racial (n = 46 393)</i> .....	42
<i>Figure 10. Taux de gestation selon l'âge de la chienne (n = 46 393)</i> .....	43
<i>Figure 11. Taux de gestation selon l'âge du mâle (n = 46 393)</i> .....	44
<i>Figure 12. Rapports de cotes pour l'avortement (intervalle de confiance de Wald à 95%)</i> ...	45
<i>Figure 13. Taux d'avortement selon le format racial (n = 40 748)</i> .....	46
<i>Figure 14. Taux d'avortement selon l'âge de la femelle (n = 40 748)</i> .....	47
<i>Figure 15. Taux d'avortement selon la saison de saillie (n = 40 748)</i> .....	48
<i>Figure 16. Rapports de cotes pour la mise-bas (intervalle de confiance de Wald à 95%)</i> .....	49
<i>Figure 17. Taux de mise-bas selon le format racial (n = 40 748)</i> .....	50
<i>Figure 18. Taux de mise-bas selon l'âge de la mère (n = 40 748)</i> .....	51
<i>Figure 19. Taux de mise-bas selon l'âge du mâle (n = 40 748)</i> .....	52
<i>Figure 20. Taux de mise-bas selon la saison de saillie (n = 40 748)</i> .....	53
<i>Figure 21. Distribution de la taille de portée (n = 37 985)</i> .....	54
<i>Figure 22. Taille de portée selon le format racial (n = 37 985)</i> .....	55
<i>Figure 23. Taille de portée selon l'âge de la mère (n = 37 985)</i> .....	56
<i>Figure 24. Taille de portée selon l'âge du mâle (n = 37 985)</i> .....	57
<i>Figure 25. Taille de portée selon la provenance du mâle en fonction du format racial (n = 37 985)</i> .....	58
<i>Figure 26. Proportion de portées comportant au moins un chiot mort (n = 37 985)</i> .....	59
<i>Figure 27. Mortinatalité par portée selon le format racial (n = 37 985)</i> .....	60
<i>Figure 28. Mortinatalité par portée selon l'âge du mâle (n = 37 985)</i> .....	61
<i>Figure 29. Mortalité post-natale par portée pour chaque format racial (n = 37 985)</i> .....	63

<i>Figure 30. Mortalité totale par portée selon le format racial (n = 37 985).....</i>	<i>64</i>
<i>Figure 31. Mortalité totale par portée selon l'âge du mâle (n = 37 985) .....</i>	<i>65</i>

# LISTE DES TABLEAUX

<i>Tableau 1. Définition d'intervalles limites pour différents paramètres.....</i>	29
<i>Tableau 2. Définition des groupes de tailles de portée selon le format racial .....</i>	30
<i>Tableau 3. Valeurs seuil de significativité .....</i>	31
<i>Tableau 4. Effectifs des chaleurs, élevages et reproducteurs .....</i>	32
<i>Tableau 5. Contribution de chaque race en nombre de chaleurs et de chiots nés.....</i>	33
<i>Tableau 6. Les 10 races les plus représentées et leur distribution (n=21 179).....</i>	36
<i>Tableau 7. Distribution des formats raciaux en nombre de chiots (n = 204 537).....</i>	37
<i>Tableau 8. Distribution des groupes FCI en nombres de chaleurs et de chiots .....</i>	37
<i>Tableau 9. Odds Ratio pour la taille de portée en fonction du format racial.....</i>	55
<i>Tableau 10. Distribution des chiennes selon la race (n=21 179).....</i>	67
<i>Tableau 11. Indices de fertilité selon la race (n=21 179).....</i>	67
<i>Tableau 12. Taille de portée médiane selon la race (n=17 293).....</i>	68
<i>Tableau 13. Mortalité des chiots selon la race (n=17 293).....</i>	68
<i>Tableau 14. Tailles de portée moyennes obtenues comparées à la littérature .....</i>	76

# PREMIERE PARTIE : INTRODUCTION

Depuis les années 60, l'émergence de maladies dont la cause était inconnue a favorisé l'apparition de nouvelles stratégies en épidémiologie vétérinaire. Le développement d'une approche multifactorielle dans l'étude des pathologies nécessite en particulier l'enregistrement structuré d'informations à la fois à l'échelle du patient et à celle de la population [1]. Concernant l'espèce canine, l'essor de l'épidémiologie vétérinaire a été tardif. Cependant, son importance capitale pour l'amélioration de la santé et du bien-être canins est à présent reconnue. Pour progresser dans cette voie, l'enregistrement d'informations et de dossiers médicaux canins est absolument nécessaire [2].

Aujourd'hui, l'épidémiologie vétérinaire canine dispose d'une nouvelle arme : le « big data ». Le big data a été défini en août 2012 dans un rapport délivré au Congrès Américain comme « de grands volumes de données de hautes vitesses, complexité et variabilité nécessitant des techniques et des technologies avancées pour permettre leur capture, stockage, distribution, gestion et analyse de l'information » [3]. Aux Etats-Unis toujours, pour les Instituts Nationaux de la Santé (National Institutes of Health (NIH)) et la Fondation Scientifique Nationale (National Science Foundation (NSF)), le big data fait référence à « des bases de données de grande taille, de natures diverses, complexes, regroupant des données qui peuvent être longitudinales et/ou distribuées, et provenant d'instruments, de capteurs, de transactions Internet, d'emails, de vidéos, de « clickstreams » et/ou toute autre source digitale accessible aujourd'hui et à l'avenir » [4].

Si le big data reste ainsi difficile à définir avec précision, il s'agit finalement de groupes de données possédant quatre caractéristiques simples, aussi appelées les « 4 V » du big data : le Volume, la Vitesse, la Variété, et la Véracité [5]. Comme son nom l'indique, le big data correspond d'abord à un important volume de données. Ce volume n'est pas clairement défini, les grandes institutions évoquant seulement un volume si important qu'il nécessite des technologies spécifiques et avancées pour être traité. On peut cependant tenter de concevoir l'ampleur d'un tel volume : on estime que 2,3 zettabytes ( $10^{21}$  bytes) de données sont créés chaque année [5], soit l'équivalent de 575 milliards de DVDs [6]. Un autre aspect essentiel du big data est sa vitesse. En effet, l'accumulation de ces nombreuses données se fait aujourd'hui très rapidement. Mais c'est surtout l'analyse de ces données dans un laps de temps très court, parfois même en temps réel, qui en font des sources d'informations particulièrement utiles dans de nombreux domaines. On peut citer par exemple les capteurs des voitures qui indiquent le niveau d'essence restant ou les salles de ventes dans le milieu de la finance. Le big data est aussi caractérisé par une grande variété de formes. Comme l'indique la définition donnée par le NIH et le NSF, les données peuvent être de natures très variées. Leur seul point commun est la provenance d'une source digitale, probablement pour des raisons pratiques concernant l'analyse de ces données. Il peut ainsi s'agir de vidéos, de billets internet, de dossiers médicaux... Enfin, une question importante du big data est celle de sa véracité. Autrement dit, les données dont nous disposons sont-elles fiables ? En effet, ces quantités de données n'ont de valeur que si elles ne comprennent pas ou peu d'erreur, que ce soit au niveau de la création, du stockage ou de l'analyse des données. De plus, ces données sont souvent le support de décisions, qu'elles soient d'ordre financier ou médical. La véracité du big data est d'autant plus difficile à atteindre que le processus d'analyse des données est complexe. En effet, le volume de données est si important que leur analyse doit souvent être répartie entre plusieurs serveurs avant d'être recompilée, ce qui favorise évidemment l'apparition d'erreurs [78]. De plus, les 3 premières caractéristiques (le volume,

la vitesse et la variété) du big data gênent les processus de vérification et de « nettoyage » des données, dégradant ainsi la qualité de celles-ci [7, 78].

Le big data est un phénomène qui touche de nombreux domaines tels que les sciences sociales, le marketing ou le management. L'un des domaines dans lequel le big data connaît un véritable essor est celui de la santé. En 2011, le système de santé américain a atteint 150 exabytes ( $10^{18}$  bytes) [7], soit l'équivalent de plus de 5,4 millions d'années de vidéo haute définition [6]. Le plus grand réseau de santé américain, Premier, aurait des données sur environ un quart des patients quittant un hôpital. Il détient maintenant une importante base de données à la fois cliniques, financières, et matérielles. Celle-ci a permis la production de rapports qui ont servi d'aide aux prises de décision et amélioré la prise en charge dans environ 330 hôpitaux. On estime que ces rapports ont sauvé 29 000 vies et réduit les dépenses liées à la santé de presque 7 milliards de dollars [8]. Avec le développement du big data, les dossiers médicaux informatiques sont donc analysés pour améliorer la prise en charge des patients et réduire les coûts [8]. Les possibilités sont immenses, et l'on trouve de plus en plus d'exemples d'utilisation du big data en santé humaine. Dans certains cas, les données du patient hospitalisé collectées à son chevet sont immédiatement analysées pour permettre des diagnostics plus précoces, comme au Centre Médical de l'Université de Columbia, aux Etats-Unis, où cette démarche permet, chez des patients ayant subi une rupture d'anévrisme, de diagnostiquer des complications sévères jusqu'à 48 heures plus tôt qu'avant ; ou à l'Hôpital des Enfants Malades de Toronto, qui diagnostique des infections nosocomiales potentiellement mortelles chez des nourrissons jusqu'à 24 heures plus tôt qu'avant [8, 9]. L'analyse du big data peut aussi permettre d'identifier des facteurs de réussite pour certaines procédures. Ainsi, les chirurgiens orthopédiques de l'Hôpital des Femmes et Brigham de Boston s'aident des facteurs de réussite identifiés par l'analyse de données pour standardiser une chirurgie réparatrice du genou [7]. De même, le système de santé de l'Université du Michigan a standardisé l'administration de transfusions [3].

Le big data apporte une contribution intéressante à l'épidémiologie. Une application développée par des médecins de l'Ecole de Médecine de Harvard et de Harvard Pilgrim Health Care permet d'identifier et de regrouper les patients atteints de diabète pour la surveillance de la santé publique. Au Blue Cross Blue Shield du Massachusetts, l'analyse de données a permis d'identifier des groupes de patients « à haut risque » et ainsi de mettre en place de nouveaux protocoles de médecine préventive personnalisés plus adaptés [3].

L'épidémiologie bénéficie aussi d'une nouvelle forme de données : les informations récoltées sur les moteurs de recherche et les réseaux sociaux, qui illustrent la diversité des données utiles dans le phénomène du big data. Des chercheurs de l'Ecole de Médecine Johns Hopkins ont en effet découvert que Google Flu Trends permettait de prévoir l'augmentation du nombre de patients présentant des symptômes grippaux au moins 1 semaine avant que l'alerte ne soit donnée par les Centers for Disease Control and Prevention (CDC). De même, l'analyse de posts sur Twitter était en avance de 2 semaines sur les rapports officiels décrivant l'épidémie de choléra qui frappa Haïti après le tremblement de terre de 2010 [3]. L'analyse rapide de grandes bases de données constitue un atout majeur pour la pharmacovigilance, et est déjà utilisée à travers le monde : l'Institut National pour la Santé et l'Excellence Clinique du Royaume-Uni est un fer-de-lance concernant l'analyse de bases de données cliniques pour l'utilisation de nouveaux médicaments et/ou traitements [7]. L'analyse de données cliniques a permis à Kaiser Permanente (Californie) d'identifier des effets indésirables de certains médicaments, comme par exemple Vioxx [3]. L'Agence de Médecine Italienne collecte des données sur les nouveaux médicaments onéreux [3]. Le big data a aussi un rôle important à jouer dans la recherche, à la fois en faisant ressortir l'influence de facteurs jusqu'alors inexplorés, mais aussi parce que certaines disciplines sont particulièrement génératrices de

grandes quantités de données. C'est le cas notamment de la génétique et du séquençage du génome. L'Institut Orthopédique Rizzoli de Bologne, en Italie, exploite ces deux aspects : il analyse les variations cliniques individuelles au sein des familles et espère ainsi déterminer le rôle de facteurs génétiques afin de développer de nouveaux traitements [8].

Le big data est donc déjà largement utilisé en santé humaine, dans des domaines variés et avec un potentiel encore sous-exploité. Depuis quelques années, le phénomène s'étend progressivement à la médecine vétérinaire. Les bases de données centralisées contenant des informations relatives aux maladies animales sont de plus en plus répandues, comme au Danemark, où toutes les données concernant la reproduction, la santé et le bien-être des animaux de production ont récemment été regroupées [11]. Les bases de données les plus détaillées concernent les animaux de production (bovins, porcs et volailles). Elles ont été créées pour atteindre différents objectifs, tels que le calcul de la valeur reproductive ou la détermination du statut indemne vis-à-vis d'un pathogène spécifique. Elles ont ensuite été complétées au fil des années selon les circonstances, les contraintes et les besoins propres à chaque espèce. Elles regroupent ainsi aujourd'hui une grande diversité de données, parmi lesquelles des observations cliniques, l'administration d'antibiotiques, l'influence de traitements sur la viande observée à l'inspection ou encore des données concernant le diagnostic de laboratoire, qui apportent des informations dans les domaines de la sécurité alimentaire, l'optimisation de la production ou encore le bien-être animal [10, 11].

Enfin, ces dernières années, on constate un intérêt croissant pour d'autres espèces, comme les chevaux et les animaux de compagnie [10]. Le chien est l'une des espèces d'animaux de compagnie les plus populaires à travers le monde [128, 129]. En 2012, les associations de fabricants de nourriture pour animaux estimaient la population canine à 7,4 millions en France [131], 8 millions au Royaume-Uni [130], plus de 71 millions aux Etats-Unis [132] et plus de 75 millions dans toute l'Europe [133]. Les bases de données concernant les animaux de compagnie sont de plus en plus nombreuses et importantes, et elles connaissent un développement rapide. Au Royaume-Uni, par exemple, le projet de recherche VetCompass (Veterinary Companion Animal Surveillance System) vit le jour en 2007. Son but était alors d'enregistrer l'utilisation des antibiotiques et des glucocorticoïdes en médecine des animaux de compagnie. Le projet s'est rapidement développé, et sa base de données comprend maintenant des informations dans d'autres domaines que celui ciblé initialement sur plus d'1,5 millions d'animaux de compagnie. Le nombre d'affections pour lesquelles des informations ont été obtenues a largement augmenté, et ce projet vise aujourd'hui à investiguer la diversité et la fréquence des problèmes de santé des animaux de compagnie rencontrés par les vétérinaires, et ainsi à identifier des facteurs de risque qui leur seraient associés [12]. Il a déjà permis la publication de plus de 15 articles scientifiques [13], touchant à la fois la pharmacothérapie [17], la démographie [18] et diverses affections, telles que la dégénérescence de la valvule mitrale [14, 15], le mastocytome [16], la maladie rénale chronique [19], l'épilepsie [20], les pyodermites bactériennes [21] ou encore le diabète [22]. Suivant une démarche proche de celle de VetCompass, le plus important réseau hospitalier vétérinaire mondial, Banfield Pet Hospitals, disséminé à travers les Etats-Unis, analyse les dossiers médicaux de presque 2,3 millions de chiens et 470 000 chats, répartis en plus de 8 millions de visites médicales chaque année. Il a ainsi produit en 2014 son quatrième rapport annuel, Banfield Pet Hospital's State of Pet Health Report [23]. Celui-ci apporte des informations relatives aux maladies infectieuses les plus courantes chez les animaux de compagnie aux Etats-Unis, selon leur situation géographique et sur une période de 5 ans. Pour chacune des dix pathologies décrites, le lecteur trouve la prévalence de la maladie, c'est-à-dire le pourcentage d'animaux affectés au sein de la population [2] ; la prévalence est exprimée pour la population générale, mais aussi en fonction de l'âge des animaux, sa répartition géographique sur une carte des Etats-Unis ainsi que son évolution sur les 5 dernières années.

Enfin, l'analyse des données a permis de déterminer des facteurs de risque pour chaque maladie, comme l'âge, le format racial, le statut reproducteur (mâle/femelle ou encore entier/stérilisé). L'équipe de recherche de Banfield Pet Hospitals, Banfield's Applied Research and Knowledge (BARK), a ainsi établi qu'en 2014 aux Etats-Unis, le risque d'être infecté par le virus de la parvovirose canine était presque 23 fois plus élevé pour les chiens entiers âgés d'au moins 1 an que pour les chiens stérilisés du même âge. L'équipe du BARK utilise aussi l'analyse des dossiers pour publier des articles scientifiques internes concernant différentes affections, parmi lesquelles la maladie périodontale ou l'obésité [24]. De plus, des études collaboratives utilisant les données de Banfield Pet Hospital ont apporté des informations sur différentes affections, parmi lesquelles le parasitisme par les nématodes, la démodécie, la pancréatite et la dermatite atopique [2]. Enfin, le réseau Banfield Pet Hospitals a mis ses données à la disposition de l'Université de Purdue en 2003 dans le cadre du Programme National de Surveillance des Animaux de Compagnie (NCASP) afin d'obtenir des informations en matière d'épidémiologie et de pharmacovigilance à la fois animale et humaine : les animaux étaient ainsi utilisés, par l'intermédiaire de l'analyse de leurs dossiers médicaux, comme des sentinelles contre le bioterrorisme, les zoonoses émergentes ou l'exposition à des produits toxiques [25, 26]. Cette collaboration a permis plusieurs publications, notamment dans concernant l'innocuité vaccinale [27, 28, 67], l'infestation par les tiques [29] et l'exposition à des substances toxiques [30].

La mise à disposition de toutes ces données en matière de santé canine profite donc pleinement à la recherche, notamment en épidémiologie. L'accumulation au sein d'un même entrepôt informatique facilement accessible de données concernant un très grand nombre de sujets constitue évidemment une avancée majeure pour l'aboutissement d'études descriptives, qui cherchent à déterminer la fréquence et la répartition d'événements au sein d'une population. Elles permettent donc d'évaluer l'importance d'affections, et constituent ainsi des aides à la prise de décision [31]. Les praticiens utilisent ces informations pour orienter leur diagnostic et anticiper les pathologies auxquelles ils seront confrontés. Ils peuvent aussi s'en servir pour conseiller les propriétaires [38]. VetCompass a ainsi permis la publication de plusieurs articles scientifiques sur la prévalence de nombreuses affections (otite externe, maladie périodontale, impaction des sacs anaux, etc.) [35], la longévité et les causes de mortalité [18], aussi bien sur l'ensemble de la population qu'au sein des races les plus représentées. C'est notamment en déterminant la prévalence des différentes affections touchant l'espèce canine que les organismes comme VetCompass ou le BARK fournissent des indications aux vétérinaires et aux propriétaires quant aux maladies à rechercher en priorité chez les patients, ou aux protocoles de médecine préventive à mettre en place [12, 23]. Cependant, la description de la population canine dans son ensemble, et pas seulement la population malade, intéresse de nombreux acteurs tels que les associations de protection animale, les fabricants de produits pour animaux, les compagnies d'assurance, les professionnels du monde canin et félin, dont les vétérinaires, les chercheurs et le gouvernement [126]. Elle souffre pourtant encore aujourd'hui d'un manque flagrant de documentation [33, 64]. La connaissance des effectifs, des dynamiques, des caractéristiques démographiques et de la répartition géographique de la population canine apporte, à plusieurs niveaux, des informations essentielles pour la recherche sur la santé et le bien-être canins [126]. D'abord, ces données fournissent un groupe témoin ou un dénominateur aux calculs de prévalence. Ensuite, le fait de connaître les caractéristiques d'une population, notamment démographiques, permet d'une part d'évaluer les populations à risque vis-à-vis de telle ou telle affection suivant leurs facteurs prédisposants (le sexe, l'âge, ...) et de prioriser les sujets de recherche en orientant les efforts vers ceux qui concernent le plus grand nombre ; et d'autre part d'identifier de nouveaux facteurs de risque vis-à-vis d'affections [33], comme nous le verrons plus loin. Jusqu'à la montée des technologies liées au big data, les données démographiques étaient principalement obtenues par des enquêtes téléphoniques ou menées



par voie postale [126]. Ces enquêtes avaient un coût important à la fois en termes de temps et de finances. Grâce à la technologie de l'information, la recherche s'est modernisée. Elle peut maintenant réunir une plus grande quantité d'informations à moindre coût et plus rapidement. VetCompass, par exemple, fournit des informations sur les caractéristiques démographiques de la population canine qui fréquente les structures médicales de son réseau, à savoir le nombre de mâles et de femelles, le nombre d'animaux stérilisés, assurés, pucés, ainsi que les 5 races les plus représentées [32]. La base de données de VetCompass contient aussi des informations sur le poids et l'âge des animaux [35]. Le State of Pet Health Report 2014 décrit la proportion de chaque format racial au sein de la population de ses patients, ainsi que les 10 races canines les plus représentées [23]. De plus, la répétition annuelle de ce rapport permet de suivre l'évolution des différents effectifs, offrant ainsi aux vétérinaires la possibilité de s'adapter à leur clientèle.

Certains domaines souffrent encore aujourd'hui d'un manque de données qui gêne la progression de la recherche. C'est le cas notamment des troubles héréditaires. Seul 1% de ceux affectant les races de chiens les plus populaires au Royaume-Uni a vu sa prévalence publiée dans la littérature scientifique [34]. C'est l'un des « trous » dans la documentation scientifique qui a motivé la création de VetCompass [12]. VetCompass est actuellement en train de participer au comblement de ce manque, notamment par l'intermédiaire du « Dogs Trust Canine Welfare Grant project: Evidence-based prioritisation of canine inherited diseases », qui utilisera VetCompass pour déterminer les prévalences de troubles héréditaires chez les chiens de pure race, pour en tirer une liste d'affections à prendre en charge en priorité qui orientera la mise en place de réformes pour l'élevage de chiens de race et ainsi améliorer la santé et le bien-être des chiens de pure race.

Dans le prolongement direct des études descriptives, puisqu'il s'agit d'analyser les données obtenues par celles-ci, un autre type d'études a vu la valeur de ses conclusions s'accroître avec l'exploitation du big data : il s'agit des études de cohorte. Une étude de cohorte consiste à suivre les individus d'une population donnée sur une certaine durée. On enregistre, pour chaque individu, s'il est exposé ou non à un facteur (environnemental ou génétique) dont on cherche à déterminer s'il s'agit d'un facteur de risque pour une ou plusieurs affections [39]. Le sujet est ensuite suivi jusqu'à ce que l'événement (par exemple la maladie) survienne ou que la période d'étude arrive à son terme. On observe ainsi si l'exposition à un facteur est suivie d'un événement précis. C'est ce suivi dans le temps qui permet d'établir un lien de causalité entre le facteur de risque et la survenue de l'événement. Les études de cohorte sont particulièrement utiles dans l'analyse d'expositions à long terme et, si le recrutement de la population est adapté, dans celle de facteurs de risque rares [40]. En Evidence-Based Medicine, les résultats des études de cohorte sont considérés comme des preuves de niveau 2, dépassés seulement par les essais cliniques contrôlés randomisés [41]. Une étude de cohorte peut être rétrospective, si on analyse les données d'une population après la fin de la période de la période d'observation ; ou bien prospective, ce qui signifie que l'étude commence avec le début de la phase d'observation, et donc avant que l'événement recherché n'ait eu lieu. Cela permet notamment aux chercheurs de choisir plus librement les sujets qui feront partie de leur étude, les informations qu'ils souhaitent obtenir, et donc les facteurs qu'ils souhaitent analyser [42]. Les quatre enjeux dont dépend la réussite d'une étude longitudinale sont le recrutement et la rétention efficaces d'une population représentative, l'observance de cette population dans le relai d'informations et l'enregistrement de données exactes [43].

L'étude de cohorte est la seule étude observationnelle qui permet d'évaluer le lien temporel entre des facteurs de risque hypothétiques et des maladies [40]. Elle constitue donc un outil de choix pour déterminer l'incidence des maladies, c'est-à-dire le nombre de

nouveaux cas par an [2]. Les études de cohorte peuvent aussi apporter des informations dans les cas de co-morbidité, souvent difficiles à évaluer, ou encore sur la longévité des animaux notamment lors de maladies chroniques [19, 125]. Leur intérêt majeur réside ainsi dans leur aspect « longitudinal », le mécanisme le plus puissant pour déterminer l'influence de facteurs environnementaux et de styles de vie dans le développement de pathologies [43]. Avec le développement des technologies liées au big data, on assiste, depuis quelques années, au passage de l'étude d'un facteur d'exposition spécifique à celle de l'influence de styles de vie complexes [40]. En effet, la capacité nouvelle de récolter et analyser un nombre croissant de données permet l'étude d'un grand nombre de facteurs. Elle a même permis le développement d'une nouvelle manière d'exploiter les études de cohorte : au lieu de choisir un petit nombre de facteurs que l'on suspecte de jouer un rôle dans le déclenchement d'une maladie, les chercheurs peuvent aujourd'hui enregistrer un grand nombre de caractéristiques individuelles à l'échelle de la population et ainsi découvrir de nouveaux facteurs de risque, aboutir à de nouvelles théories [40]. Là encore, la médecine vétérinaire suit le mouvement de la médecine humaine, qui compte déjà plusieurs études de cohorte, dont certaines ont permis l'identification de nouveaux facteurs de risque dans l'apparition de certaines maladies : l'Avon Longitudinal Study of Parents and Children (ALSPAC) [47] a ainsi déterminé l'importance de nombreux facteurs environnementaux et génétiques vis-à-vis de caractères phénotypiques tels que l'obésité [48] ou les fonctions cognitives [49]. En suivant la même démarche, une étude de cohorte menée sur 700 chiens de quatre grandes races de Norvège a publié des articles sur la prévalence et les facteurs de risque de la mortalité néonatale [59], l'effet du poids et du taux de croissance sur le développement de la dysplasie de la hanche [60], et l'incidence et les facteurs de risque associés aux vomissements et à la diarrhée [61].

Jusqu'à récemment, les études de cohorte étaient peu utilisées dans l'espèce canine. Elles avaient pourtant apporté une contribution importante à la recherche dans le domaine des maladies infectieuses, notamment la leishmaniose [51-57], et dans l'étude de certains facteurs individuels tels que la stérilisation [108] ou l'obésité [40]. En effet, les études de cohorte présentent deux inconvénients majeurs : elles sont d'une part coûteuses, et d'autre part, le délai entre le début de l'étude et la production des résultats est souvent important [40]. Cependant, le développement du big data et de l'arsenal technologique qui l'accompagne permettent de réduire ces coûts et ces délais. De grandes quantités de données épidémiologiques peuvent être récoltées sur Internet de manière simple et efficace. Internet présente notamment les avantages de permettre l'enregistrement des données par les participants lorsque ceux-ci le souhaitent, et l'incorporation facile de rappels [43], améliorant ainsi le recrutement, la rétention et l'observance de la population. Si cette pratique était déjà largement répandue en médecine humaine [44, 45], elle n'avait été que peu utilisée en médecine vétérinaire [46]. Cependant, ces dernières années et grâce au big data, on assiste au développement de projets qui ambitionnent de suivre les traces de la médecine humaine, tels que Dogslife [50]. Ce projet constitue la première étude longitudinale de grande ampleur en santé canine utilisant Internet. Il a pour but d'évaluer l'influence de facteurs environnementaux et génétiques sur le développement de chiots Labrador Retrievers inscrits au Kennel Club du Royaume-Uni [43] et a déjà recruté plus de 5 600 membres en 5 ans [50]. Le projet recrute les chiots par l'intermédiaire du Kennel Club, qui transfère directement à la base de données Dogslife des informations sur le chien (numéro d'identification, date de naissance, noms des parents, nom, sexe et couleur) et les coordonnées du propriétaire (nom, adresses email et postale). Le projet a également fait l'objet d'une campagne publicitaire dans la presse et auprès des éleveurs de Labradors. Dogslife contactait ensuite les propriétaires pour les inviter à rejoindre leur site Internet. Celui-ci est notamment le support du questionnaire pour lequel le propriétaire est sollicité chaque mois. Ce questionnaire demande des informations sur la taille et le poids du chien, le foyer, les mesures de médecine préventive, l'alimentation, l'exercice, l'utilisation du chien et son état de santé. Dogslife est

actuellement en train de créer une base de données richement documentée sur une cohorte de grande taille, dans le but d'obtenir d'abord une description détaillée de la population de Labrador Retrievers du Royaume-Uni, concernant à la fois le phénotype (hauteur au garrot, poids), l'état de santé et le style de vie, puis de nouvelles théories sur les facteurs de risque de plusieurs maladies [40].

L'une des conditions pour valider l'utilité d'une étude de cohorte est la représentativité de la population recrutée. En effet, on cherche à généraliser les résultats de l'échantillon analysé dans l'étude de cohorte à une population plus large, de sorte qu'on puisse appliquer à cette dernière les recommandations qui découlent de l'étude. On évalue généralement la représentativité de la population choisie en comparant ses caractéristiques (indicateurs démographiques, poids, ...) avec celles de la population générale ou bien en comparant d'autres mesures, comme par exemple l'incidence d'une maladie, avec celles obtenues pour des cohortes similaires [43]. Le problème, comme nous l'évoquions pour montrer l'intérêt des études descriptives, est que les caractéristiques démographiques de la population générale des animaux de compagnie sont très peu connues, notamment parce que, dans la plupart des pays, il n'y a pas de registre national des animaux [43]. Pour contourner cette difficulté, certaines études, comme Dogslife, choisissent une race de chien et utilisent les données du Kennel Club de leur pays. Ils obtiennent ainsi des valeurs de référence avec lesquelles ils peuvent comparer celles de la population qu'ils ont recrutée [43]. De plus, et même si ce n'est pas suffisant, plus l'effectif de la population recrutée est grand, plus celle-ci a de chances d'être représentative. C'est pour cette raison que les chercheurs cherchent à accumuler toujours davantage de données, et c'est l'un des atouts du big data : permettre l'étude de populations plus représentatives.

En effet, pour pouvoir utiliser le big data, il faut avant tout recruter un grand nombre de sujets et, pour que les informations restent actuelles d'une part et pouvoir observer une évolution d'autre part, que ces sujets continuent de fournir des données. Les études de cohorte qui recrutent et maintiennent les plus grandes populations développent un arsenal de techniques pour conserver la participation des sujets : interviews en face à face, appels téléphoniques, questionnaires papier, articles de presse, cartes postales, flyers, récompenses, et surtout, à l'ère d'Internet, e-mails et sites web attractifs servent à intéresser puis fidéliser les propriétaires [40, 43]. Pour Dogslife, par exemple, le taux de réponse initial était assez bas (2,4%), néanmoins comparable à ceux obtenus pour les cohortes humaines. Cependant, l'effectif de la population éligible est si important que 1 407 chiens ont tout de même pu être recrutés, chiffre qui possède déjà une puissance statistique importante. Néanmoins, la faiblesse du taux de réponse peut notamment s'expliquer par le fait que 71% des chiens éligibles n'ont pu être « activement » recrutés car leurs propriétaires ont refusé d'être contactés par Dogslife. En utilisant les moyens de publicité que nous venons d'évoquer, le taux de recrutement a augmenté pour atteindre 8,4%, ce qui montre l'efficacité de ces méthodes [43]. Concernant le recrutement mais aussi la rétention de la cohorte, le facteur principal de réussite semble être le caractère peu contraignant de l'enregistrement des données [43]. Les contraintes sont notamment le temps nécessaire à la participation [43, 77], mais aussi la complexité des questions (par exemple mesures de taille et de poids), et, pour les études longitudinales, du caractère répétitif des questionnaires. Cependant, les propriétaires de plus de 39% des chiens ont été jugés « activement impliqués » dans l'étude après que leur chien ait atteint l'âge de 400 jours [43], malgré les contraintes des questionnaires mensuels. D'après une enquête menée sur le site et au téléphone, leur motivation reposait avant tout sur leur altruisme et leur désir de faire avancer la recherche, bien que le site mette également à leur disposition des informations en matière de santé canine, un suivi personnalisé de leur chien ainsi que des rubriques amusantes [43].

Les enquêtes basées sur des questionnaires sont utilisées depuis longtemps et dans le monde entier notamment pour obtenir des données démographiques sur la population canine [104, 127, 129, 134-137]. Plusieurs études ont montré que ces enquêtes ont une bonne répétabilité [138, 139]. Elles ont aussi été utilisées comme méthode de comparaison pour évaluer la fiabilité des sources de données secondaires, que nous verrons plus loin [126]. Les enquêtes basées sur des questionnaires ont l'avantage de pouvoir puiser leurs informations auprès d'intervenants autrement inaccessibles, notamment les propriétaires [43] ou les éleveurs [141, 142]. Les enquêtes menées auprès du public sont considérées comme nécessaires à l'appréciation de la population canine totale [126]. Le fait de choisir de manière aléatoire les foyers qui seront interrogés permet de réduire le biais de sélection et d'obtenir une population plus représentative [2]. Cependant, celle-ci n'est pas idéale, notamment à cause du faible taux de réponse des participants qui, en plus de diminuer l'effectif de la population étudiée, peut sélectionner un profil de propriétaire particulier (par exemple le caractère « responsable ») [126]. De plus, le dénominateur, la population canine totale, est mal connu [140], ce qui est souvent l'objet même des enquêtes menées auprès du public [126]. Les participants peuvent aussi avoir oublié des informations, ce qui introduit un biais de mémoire. Les études de questionnaire peuvent aussi porter sur la santé des animaux, auquel cas les propriétaires peuvent commettre des erreurs dans la description de symptômes ou le diagnostic d'un trouble. Avec la montée des technologies de l'information et du big data, les enquêtes basées sur des questionnaires peuvent désormais être utilisées à plus grande échelle et à moindre coût, notamment grâce à internet. C'est ce qui a donné naissance à des projets comme Dogslife, dont nous avons déjà vu l'ampleur et l'utilité [43].

Dogslife ne recrute donc que des chiens de race Labrador Retrievers. Le choix de ne comparer entre eux que les individus d'une même race se justifie par la grande variabilité qui existe entre les différentes races de chiens, aussi bien au niveau phénotypique que génétique [62]. En effet, il est plus difficile d'évaluer l'influence d'un facteur d'exposition sur des sujets très différents les uns des autres : les résultats généraux obtenus pour cette population hétérogène ne permettraient pas d'aboutir à des recommandations individuelles. C'est aussi notamment pour assurer l'homogénéité de la population choisie que certaines études limitent leur recrutement dans le temps ou l'espace [43]. Si la population étudiée doit être homogène pour assurer la qualité de l'information, c'est aussi le cas des sources d'où sont issues les données du big data. En effet, l'une des raisons pour lesquelles les données vétérinaires des animaux de compagnie sont restées longtemps inexploitées est la grande diversité de systèmes d'enregistrement de dossiers médicaux qui existent sur le marché vétérinaire, compliquant ainsi grandement l'extraction et la compilation de leurs données [40]. De plus, l'une des informations les plus intéressantes de ces dossiers médicaux est le diagnostic établi par le vétérinaire. Or, pour beaucoup d'affections, il n'y a pas de consensus quant aux méthodes diagnostiques à appliquer et parfois pas non plus sur la définition exacte de la maladie [40]. De plus, la plupart des structures vétérinaires pour animaux de compagnie enregistrent leurs dossiers médicaux sous forme électronique, mais en tant que « texte libre », un format de données dit « non-structuré » [65], ce qui rend leur analyse à grande échelle très difficile [63]. En effet, plusieurs vétérinaires peuvent formuler un même diagnostic différemment, ne serait-ce qu'en employant des termes ou des abréviations qui leur sont propres, ou simplement en faisant une erreur d'orthographe [66, 67]. Pour remédier à ce dernier problème, certaines études proposent de standardiser l'enregistrement des diagnostics au moyen de codes. En médecine humaine, de tels codes sont déjà largement utilisés à travers le monde et constitue un outil épidémiologique fondamental [80]. Suivant cet exemple, le projet VetCompass, dont nous avons parlé plus haut, a inséré un dictionnaire de termes vétérinaires standardisé, les Codes VeNom [68], à l'intérieur des systèmes électroniques des structures vétérinaires participant au projet. Ces codes constituent une liste exhaustive d'espèces, de races, de symptômes, de procédures et de diagnostics que le praticien va sélectionner dans un menu

déroulant, au lieu de les taper à la main [63]. Le fichier des Termes Diagnostiques de l'American Animal Hospital Association (AAHA) compte quant à lui environ 5 600 signes cliniques et termes diagnostiques [69]. Tous deux sont disponibles gratuitement afin de promouvoir leur usage au sein de la communauté vétérinaire. Par la suite, ces codes pourront être recherchés et dénombrés facilement, à la fois pour analyser la clientèle de la structure, mais aussi pour être regroupés avec ceux des autres structures participantes, et ainsi obtenir des informations à l'échelle régionale, nationale, ou pourquoi pas, dans le futur, mondiale [70, 71]. De plus, des technologies permettant l'analyse des informations non-structurées, qui contiennent des certaines données autrement inaccessibles [73], sont actuellement en cours de développement [72, 74, 75]. Celles-ci permettraient par exemple d'améliorer la détection d'associations symptômes/maladie ou encore médicament/effet secondaire, et apporteraient ainsi une contribution intéressante pour la pratique clinique et la pharmacovigilance [76]. Par la standardisation, les chercheurs espèrent réduire le plus possible le manque de reproductibilité due au grand nombre d'opérateurs différents inévitablement lié au big data, et ainsi améliorer la qualité des informations obtenues.

Le big data doit encore faire face à de nouveaux problèmes qui émergent avec lui, tels que la protection de l'anonymat des participants [78]. En effet, les données enregistrées pourraient ensuite être utilisées plusieurs fois, par des opérateurs et dans des buts différents. Cependant, si la protection de la vie privée est un principe éthique crucial en médecine humaine [79], son importance paraît moindre en médecine vétérinaire, la traçabilité des animaux étant même souvent souhaitable.

De plus, sans la possible réutilisation des données dans plusieurs buts différents, de nombreuses études épidémiologiques intéressantes n'auraient pas vu le jour. En effet, les données utilisées en épidémiologie peuvent provenir de sources primaires, c'est-à-dire qu'elles ont été collectées spécialement pour la recherche, comme par exemple pour le projet Dogslife ; ou bien de sources secondaires, auquel cas les chercheurs utilisent des données déjà obtenues par une autre entité et dans un autre but [2], comme pour le Pet State State of Health Report annuel du réseau hospitalier Banfield.

Récemment, Internet a aussi été exploité pour le côté vitesse du big data. En effet, l'une des caractéristiques principales du big data est sa rapidité dans le traitement des données. Celle-ci est telle que l'on peut désormais analyser une quantité importante d'informations quasiment en temps réel. C'est ce que montre Disease WatchDog, un projet de d'épidémiologie-surveillance australien lancé par Virbac Santé Animale en 2010 [64]. Il s'agit d'une étude prospective menée auprès des cliniques vétérinaires pour obtenir des données sur les cas de maladies infectieuses qu'elles rencontrent chez les animaux de compagnie. Le personnel de la clinique enregistre sur le site de DiseaseWatchdog les données concernant le patient, le lieu de contraction de la maladie, la méthode de diagnostic, les mesures préventives dont le patient faisait l'objet, l'issue du cas ainsi que les coordonnées de la clinique, du vétérinaire et du patient (qui restent confidentielles). L'enregistrement fait par des professionnels et contenant la méthode de diagnostic améliorent la qualité de l'information. Pour encourager les praticiens à participer, ceux-ci obtiennent l'accès à des cartes qui leur montrent la répartition des cas dans le pays pour différentes affections. Ils bénéficient également de supports de communication pour dialoguer avec leur clientèle. L'enregistrement est simple et rapide (30 secondes par cas) et des rappels sont envoyés par mail tous les mois. De plus, Disease WatchDog est soutenu par l'Australian Veterinary Association et plusieurs laboratoires. En moins d'un an, 659 cliniques ont rejoint le projet, soit approximativement 31% des cliniques australiennes. Plus de 1 300 cas ont été rapportés. Parmi les affections concernées, on trouve la parvovirose, la maladie de Carré ou encore la paralysie par les tiques. Plusieurs foyers d'épidémie ont pu être identifiés, leurs coordonnées et leur période

d'occurrence enregistrées. On peut ainsi déterminer des zones et des périodes à risque alors même que l'épidémie est en train d'avoir lieu, et transmettre cette information aux médias et donc au public. Par la suite, en analysant les caractéristiques de ces zones et de ces périodes, on pourra là aussi identifier des facteurs de risque vis-à-vis des différentes affections. De plus, les informations obtenues permettraient d'orienter le choix du protocole de vaccination et du traitement afin de réduire la prévalence des maladies infectieuses. Ce projet a encore un potentiel énorme, puisque l'on peut encore y ajouter de nombreuses affections. Certaines données manquent à ce projet, notamment l'effectif de la population à risque. À l'avenir, celui-ci pourra être déterminé par une enquête ou estimé par le logiciel.

Enfin, les bases de données liées à des programmes de dépistage peuvent fournir des informations intéressantes. Celles-ci sont souvent des données primaires, c'est-à-dire collectées dans le but de renseigner sur l'affection ou le profil d'individu choisi. Ces bases de données contiennent donc des informations orientées et précises. Les informations sont généralement souscrites volontairement par des praticiens, des éleveurs ou des propriétaires. Cette collecte passive, basée sur le volontariat, limite le nombre d'individus inclus dans ces programmes et crée un biais de sélection qui en détériore la représentativité. Par exemple, les chiens des lignées que l'on suspecte d'être touchées par une affection peuvent être davantage testés [2]. Certains programmes ont cependant fourni des informations précieuses, comme le programme de dépistage de dysplasie de la hanche et du coude de la British Veterinary Association (BVA). Ces programmes contiennent des données sur plus de 100 000 radiographies fournissent notamment des scores médians d'évaluation de la hanche pour chaque race, aidant ainsi les éleveurs dans la gestion de la reproduction [171]. La représentativité est cependant limitée par l'inclusion plus probable de chiens de race inscrits au Kennel Club. Au contraire, les chiens cliniquement affectés ou dont les radiographies montrent des défauts évidents seront rarement inclus [171]. Ces programmes de dépistage prennent eux aussi la forme de big data. Les technologies de l'information leur permettent de mettre à jour leurs bases de données, suivre l'évolution des résultats. Dans le cas de la dysplasie de la hanche, il s'agit de calculer un score médian pour l'ensemble des individus d'une race de chiens. Ceci illustre la diversité de ce que l'on peut déterminer à grande échelle grâce au big data. De plus, la technologie de l'information est amenée à se développer de plus en plus en ce qui concerne des supports d'informations différents, notamment l'image et la vidéo. On peut ainsi imaginer des banques d'images radiographiques qui seraient un jour analysées à grande échelle à l'aide de programmes informatiques spécifiques.

Si les données primaires offrent un meilleur contrôle sur les types et la qualité des données, les bases de données secondaires ont souvent fait l'objet d'avancées technologiques plus importantes qui leur donnent de nombreux avantages, à savoir une collecte des données plus efficace, des coûts réduits, des effectifs plus importants et moins de biais, accroissant ainsi la représentativité de la population étudiée [81]. De plus, l'importance de ces effectifs peut s'avérer particulièrement utile dans l'espèce canine, notamment pour étudier l'effet de la race (y compris les races peu communes) [106] et ses interactions avec d'autres facteurs, jusqu'alors très peu étudiés par manque de sujets et donc de puissance statistique [83]. La validité des études reposant sur le big data dépend en grande partie des caractéristiques de la base de données exploitée. De nos jours, ces bases de données secondaires sont prélevées principalement chez les compagnies d'assurance, les pratiques médicales de première ligne et le « référé » [81], ainsi que dans les clubs de race. Les données des compagnies d'assurance sont utilisées depuis les années 70 en médecine vétérinaire [82] et connaissent un succès croissant. En effet, l'un des atouts majeurs des bases de données de compagnie d'assurance est de pouvoir comparer un numérateur (le nombre d'animaux malades) avec un dénominateur (le nombre d'animaux assurés) [2], alors que ce dénominateur, la population « à risque », est souvent une donnée manquante difficile à obtenir. C'est notamment le cas dans

les pays européens nordiques tels que le Danemark, la Suède ou la Norvège, où une très forte proportion de la population canine fait l'objet d'un contrat d'assurance. En effet, on estime que 78% de la population canine suédoise est couverte par une assurance [126]. Cela augmente l'effectif et la représentativité de la population assurée, rendant ainsi les bases de données des assurances particulièrement intéressantes d'un point de vue épidémiologique. Leur utilité scientifique a été prouvée et a déjà permis plus d'une vingtaine de publications dans l'espèce canine [83, 105, 106], notamment en Suède et au Royaume-Uni. C'est en exploitant la base de données de la compagnie d'assurance Agria Animal Insurance (Agria Djurförsäkring, Stockholm, Sweden), dont on estime qu'elle couvre environ 40% de la population canine suédoise, soit environ 200 000 chiens chaque année [106], que les nombreuses études suédoises ont été menées [84, 86, 87, 90-96, 105, 106]. L'utilisation des données d'Agria a été validée par comparaison avec les dossiers médicaux de pratiques vétérinaires [71]. Les études utilisant des bases de données d'assurances traitent principalement des données démographiques, des causes de morbidité et de mortalité [82, 84-101, 105]. Elles ont ainsi identifié les causes tumorales, traumatiques, locomotrices et cardiaques comme les principales causes de mortalité canine [85], tandis que les problèmes cutanés, digestifs, génitaux et respiratoires étaient les causes les plus fréquentes de morbidité [87]. Elles ont aussi apporté une contribution intéressante pour des affections spécifiques [2], par exemple en cancérologie, en classant les différentes tumeurs dont les animaux étaient atteints [88], ou encore en indiquant l'incidence des tumeurs mammaires et des ostéosarcomes [90-92]. Une autre étude a évalué l'évolution du risque de mortalité et de morbidité vis-à-vis de grands types de troubles (dégénératif, inflammatoire, néoplasique, symptomatique, traumatique) en fonction de l'âge [106]. Dans une certaine mesure, l'analyse des données de l'assurance vie peut apporter des informations sur la longévité des animaux [83], là encore même en fonction de la race [106]. Enfin, les coordonnées des propriétaires peuvent être utilisées pour dresser des cartes géographiques des troubles mais aussi pour identifier des facteurs de risque. Ainsi, les codes postaux de la base de données d'Agria ont été utilisés pour montrer des associations entre l'incidence de la dermatite atopique canine et les niveaux annuels moyens de pluie, la proximité d'un vétérinaire dermatologue, le secteur géographique et la densité de la population [94]. Cette source de données a cependant des limites : les données ne concernent que les troubles couverts par l'assurance et qui ont motivé une visite vétérinaire puis une demande de remboursement [83]. Ainsi par exemple Agria Insurance couvrait la plupart des problèmes médicaux et traumatiques au cours de la période pendant laquelle la majorité des études canines ont été menées (1995-2002) [106], contrairement aux problèmes de comportement et aux anomalies dentaires non-traumatiques [83]. Le nombre d'affections non couvertes par l'assurance peut varier selon la compagnie, la race, les antécédents médicaux de l'animal [2] et aurait tendance à augmenter avec le temps [83, 86]. Les contrats d'assurance vie prennent généralement fin avant le décès de l'animal (10 ans) [97], ce qui gênerait les études menées dans le domaine de la gériatrie, et gêne l'évaluation des durées de vie. De plus, Agria ne permet pas de distinguer la mort « naturelle » d'une euthanasie. Cet organisme d'assurance mène une politique non punitive vis-à-vis de ses adhérents, dans le sens où elle ne pénalise pas les demandes de remboursement par une augmentation du prix ou une exclusion. Cependant, ce n'est pas forcément le cas chez les concurrents [107], ce qui peut influencer la déclaration des récives et notamment gêner les études de cohorte [2]. Enfin, si Agria a fait preuve d'une grande ouverture, les compagnies d'assurance n'acceptent pas forcément de laisser accès à leur base de données [2, 83, 126]. Il faut en plus considérer la représentativité de la population. En effet, l'importance de l'effectif ne suffit pas à valider la représentativité de la population. L'origine du chien, sa race et l'usage que son propriétaire veut en faire peuvent influencer sa décision de l'assurer ou non [83, 103], introduisant ainsi un biais de sélection [2] ; et inversement, le fait qu'il soit assuré peut influencer certaines décisions, comme le fait de faire réaliser une consultation vétérinaire [19], de faire subir une procédure au chien ou même de l'euthanasier [83]. Dans une étude

anglaise, on a constaté que les animaux en bas âge étaient nettement sur-représentés dans la population de chiens assurés étudiée [88]. La représentativité de la population peut être vérifiée par exemple au moyen d'enquêtes basées sur des questionnaires [103, 104]. Si ces dernières comprennent elles aussi des biais, ce ne sont pas forcément les mêmes, et l'on peut penser qu'un même résultat obtenu de plusieurs façons différentes a une certaine fiabilité. Enfin, il ne faut pas oublier que les usages diffèrent d'un pays à l'autre, y compris en matière d'assurance canine. Ainsi, au Royaume-Uni, seuls 20 à 24% des chiens feraient l'objet d'un contrat d'assurance [126], ce qui rend la population étudiée moins représentative, et a fortiori en France, où seulement 4% des animaux domestiques seraient assurés [244]. Les résultats obtenus à partir de bases de données de compagnie d'assurance doivent donc être considérés avec prudence et comparés avec ceux d'autres études [83].

Un autre flux important de données provient des pratiques de « référé ». Comme pour les pratiques de première ligne, les dossiers des animaux sont enregistrés informatiquement. Ces données, qui concernent principalement les caractéristiques des patients (âge, sexe, race) et les diagnostics posés sont ensuite extraites et analysées. Ces structures sont généralement plus grandes, puisqu'elles incluent par exemple les universités vétérinaires, elles ont l'avantage de disposer de personnel spécialisé, ce qui rend les diagnostics plus fiables et probablement les enregistrements de données plus systématiques [2]. L'effectif de patients d'une seule structure ayant déjà une certaine importance, les données de référé sont déjà utilisées depuis longtemps pour la recherche. Cependant, les structures de référé présentent, comme leur nom l'indique, un biais de référence qui diminue la représentativité de la population étudiée et donc la généralisabilité des résultats obtenus. En effet, les animaux présentés dans ces structures sont souvent des cas plus compliqués, ce qui biaise l'importance des maladies et notamment leur prévalence comparative [109]. De plus, cela biaise également le dénominateur de la population étudiée, dans le sens où l'ensemble des patients d'une clinique de référé comprendra moins d'animaux sains que celui d'une clinique de première ligne et encore moins que celui d'une compagnie d'assurance. Leurs résultats sont donc d'autant moins valides pour les calculs de prévalence [2]. D'autre part, les propriétaires qui font appel à ces structures sont motivés et disposent d'une certaine ressource financière. Ils sont plus souvent assurés que dans la population générale, ce qui implique par exemple les biais de race et d'usage dont nous avons parlé plus haut ; la distance du foyer de l'animal au centre de référé peut également introduire un biais, les propriétaires proches d'un centre étant plus susceptibles d'y consulter [64, 83, 109]. La population des cliniques de référé n'est donc pas très représentative d'une population plus large, par exemple à l'échelle nationale. Cependant, les données que fournissent ces structures restent très intéressantes pour l'étude des mécanismes causaux de pathologies spécifiques [110]. De plus, si la pathologie étudiée est généralement référée (et non traitée dans les structures de première ligne), les données sont susceptibles d'être représentatives de la population [83], comme par exemple le shunt portosystémique congénital [143] ou le glaucome [144]. Grâce au big data, c'est notamment vrai pour les maladies rares et les maladies liées à la race [2]. Par exemple, le Veterinary Medical Data Base (VMDB) contient 7 millions de dossiers standardisés provenant de 26 écoles vétérinaires aux Etats-Unis et au Canada [111]. Les diagnostics sont enregistrés selon un code pathophysiologique, histologique ou des terminologies descriptives [112]. L'analyse des données concerne notamment le phénotype de l'individu (race, âge, sexe) et le code du diagnostic. Elle a aussi donné lieu à des études sur la longévité [145], des pathologies générales ou spécifiques [146, 147]. L'effectif important de la population a donné une puissance statistique suffisante aux données du VMDB pour permettre, entre autres, l'exploration de maladies dont la prévalence est très faible telles que le cancer de la thyroïde (0,2%) [113], la dyscospondylite (0,2%) [114], la bronchiectasie (0,05%) [115], et la leptospirose (0,04%) [116].



Exploitées bien plus récemment et avec un succès croissant, on trouve les bases de données des pratiques vétérinaires de première ligne. Celles-ci ont l'avantage important de concerner en général une population très représentative [2, 126], ce qui donne du poids aux données que l'on peut en tirer, à la fois sur les plans démographique et médical. Elles sont aussi enregistrées par des professionnels de la santé animale, ce qui limite les erreurs de diagnostic [2]. Cependant, les principales difficultés dont elles souffrent sont des erreurs de classification, notamment lors de l'analyse de texte libre [117], et des difficultés technologiques liées au grand nombre de données [67]. De plus, les enquêtes démographiques menées à partir de ces données peuvent surestimer la population canine [126]. En effet, les animaux peuvent changer de vétérinaire, ou en consulter plusieurs, et ainsi se trouver dans plusieurs bases de données différentes. Le numéro d'identification de l'animal n'est pas forcément enregistré, notamment dans un souci de confidentialité, ce qui empêche d'identifier les doublons. Il y a aussi un biais lié au fait que certains troubles ne déclenchent pas de visite chez le vétérinaire, que ce soit à cause de la discrétion des symptômes ou parce que certains chiens n'ont pas accès à des soins vétérinaires [2]. En effet, seuls 44,1% des épisodes de maladie canine sont suffisamment sévères ou persistants pour entraîner une visite chez le vétérinaire [43]. Cependant, les effectifs de la population étudiée sont si importants que la précision des résultats obtenus semble généralement suffisante pour avoir une valeur scientifique [123], y compris concernant les maladies rares [124]. Ceci est particulièrement vrai dans les pays où la population canine est très médicalisée, comme au Royaume-Uni par exemple, où 77% des chiens sont enregistrés chez un vétérinaire [126], ou en France, où 75% des chiens sont médicalisés [245]. Le projet VetCompass, que nous avons déjà évoqué, télécharge automatiquement chaque semaine les données cliniques de 189 structures vétérinaires de première ligne [2]. Le réseau de 800 hôpitaux Banfield Pet Hospital procède d'une façon similaire. Cependant, il a l'avantage de n'utiliser qu'un seul système informatique unique, PetWare®, et de télécharger quotidiennement les données standardisées vers un même serveur [118]. C'est le passage des dossiers médicaux à un format électronique [120, 121] et l'avancée des technologies liées au big data [2] qui ont enfin permis l'exploitation de cette précieuse source d'information que sont les structures vétérinaires de première ligne. En effet, nous avons vu plus haut avec les exemples de VetCompass et de Banfield Pet Hospital que la technologie liée au big data a permis une progression marquée dans l'exploitation des données des structures de première ligne, et que celles-ci apportent une contribution très importante à la recherche et un support concret d'Evidence-Based Medicine aux vétérinaires généralistes pour les aider dans leur pratique quotidienne [117, 119]. Le NCASP, le programme de surveillance qui a pu bénéficier des données de Banfield, a regroupé les données des 800 hôpitaux avec les rapports de laboratoire de plus de 18 000 structures vétérinaires privées [26]. L'Independent Inquiry into Dog Breeding, un rapport très attendu par le public et commandité par le gouvernement et le Kennel Club du Royaume-Uni, ainsi que Dogs Trust, une importante association de défense du bien-être canin, considère les données électroniques standardisées comme la meilleure source de données pour le calcul d'estimations fiables de prévalences [120].

Les registres des clubs de race et kennel clubs, qui recensent les chiens de race et leurs origines, peuvent également fournir des données intéressantes sur la population canine en tant que big data. Depuis leur création, à la fin du XIX<sup>ème</sup> siècle, ces registres ont permis l'étude des lignées à l'échelle de la population, ce qui joue un rôle crucial dans la gestion des races [157]. Cependant, l'analyse de la diversité génétique au sein des races, notamment au moyen des calculs de coefficients de consanguinité, a dû attendre un certain développement technologique pour pouvoir être entreprise, et n'a donc commencé qu'il y a une vingtaine d'années [157]. Aujourd'hui, la prévalence des troubles héréditaires touchant les races de chiens populaires au Royaume-Uni n'a été documentée que pour 1% de ces troubles [34]. Ce manque d'informations a été identifié comme l'un des obstacles majeurs à la mise en place de

réformes efficaces pour le bien-être des chiens de race [122, 177, 178]. De nos jours, on peut traiter ces données informatiquement pour obtenir divers indicateurs, comme la consanguinité que nous venons de citer ou l'effectif efficace de la population, qui servent par exemple à déterminer la structure génétique d'une population, évaluer sa diversité génétique, à identifier des goulots d'étranglement génétiques, calculer la prévalence de défauts héréditaires ou essayer d'établir l'effectif minimum pour qu'une population soit viable [153-166]. Il est possible de suivre la transmission d'un gène de génération en génération sur une population entière [157]. Enregistrant les chiens confirmés et les portées de chiots de race, les registres des clubs de race fournissent aussi des données démographiques. Cela peut notamment donner aux études le dénominateur de population dont nous avons parlé plus haut, ou encore faciliter le recrutement de chiens de race, comme dans le cas du projet Dogslife [43]. Par exemple, le site du Livre Officiel des Origines Félines (LOOF) fournit à la fois des statistiques démographiques (nombre de mâles et de femelles mis à la reproduction, âge à la reproduction, taille de portée, mois de naissance des chatons, etc.) mais aussi concernant la consanguinité (nombre de chatons nés d'un même mâle ou d'une même femelle, coefficient de consanguinité traçable des chatons, etc.) [186]. Ces registres peuvent également fournir une population d'étude dans le domaine scientifique de la reproduction, mais nous détaillerons ce cas à la fin de cette introduction.

Cependant, si l'enregistrement des chiens est intéressant pour l'éleveur, il n'est pas obligatoire. Ainsi ces registres ne contiennent pas forcément tous les individus correspondant aux critères de leur race. En France, on estime qu'un tiers des chiens de race [153] est enregistré par la Société Centrale Canine (SCC) [149], l'association qui gère le Livre des Origines Françaises (LOF), qui enregistre les lignées des chiens de race et coordonne les différents clubs de race. A l'inverse, tous les individus qui figurent effectivement au registre correspondent au standard de la race. Ceci peut être utile lorsque l'on étudie l'effet race ou bien une pathologie liée à une race particulière. Les dates de naissance enregistrées sont probablement fiables, mais la lignée n'est pas toujours précisée, ce qui limite le nombre de générations que l'on peut étudier d'un point de vue génétique [157]. Chez le chien, la plupart des études ont pu retracer des généalogies complètes jusqu'aux années 60 ou 70 [153, 154, 158-164], certaines remontant même jusqu'à la fin du XIX<sup>ème</sup> siècle [165]. L'enregistrement d'individus dont on ne connaît pas ou peu la lignée peut introduire un biais, puisque des relations de proche parenté peuvent être ignorées, et ainsi diminuer la qualité de l'information obtenue sur l'ensemble de la population [157]. L'exhaustivité des registres varie beaucoup selon la race, notamment avec son ancienneté [157]. Les dates de mort, quant à elles, ne sont pas suffisamment déclarées par les propriétaires pour être utilisables. Enfin, les bases de données des clubs de race peuvent comporter des erreurs, dues soit à une erreur d'enregistrement, soit à une fraude ou des saillies passées inaperçues [157]. Selon les études, le taux d'erreur semble varier entre 4,4% et 10% [157]. D'une manière générale, un enregistrement plus complet des données donnerait un grand potentiel à cette source d'information, pourtant déjà utile [83, 126]. Par exemple, le Kennel Club du Royaume-Uni [152] enregistre plus de 250 000 chiens de race chaque année (ainsi que de nombreux croisés) [151], soit environ un tiers de la population canine du Royaume-Uni [126] et, tout comme la SCC, publie annuellement gratuitement le nombre de chiens enregistré pour chaque race [150, 151]. Ces données ont servi à évaluer la population de chiens de race dans plusieurs études [43, 148]. En France, la SCC a enregistré plus de 200 000 chiens au LOF en 2013 [150] et permis la publication de plusieurs articles concernant l'élevage et la génétique [153-156]. Celles-ci ont notamment abouti à des recommandations en matière de sélection et de conduite de l'élevage canin.

On peut aussi obtenir des informations à partir des bases de données des organismes qui gèrent les numéros d'identification des chiens [126]. En plus de ce numéro, ces bases de

données contiennent la race (ou le type racial), le sexe, la date de naissance, la robe et les signes particuliers [126, 168]. Selon les pays, elles peuvent aussi contenir la présence éventuelle de problèmes médicaux importants ou les médicaments nécessaires à l'animal [126]. On peut donc au moins obtenir des données démographiques et une distribution géographique pour les animaux. Il faut cependant tenir compte du fait que les décès ne sont pas suffisamment précisément rapportés pour être utilisables. De plus, une étude anglaise a constaté un manque de standardisation des données concernant l'enregistrement des races et des régions [126]. En France, l'I-CAD [167] est maintenant responsable du Fichier National d'Identification des Carnivores Domestiques (FNICD) (avant 2013 et en ce qui concerne les chiens, ce rôle était confié à la SCC). Etant donné que l'identification des chiens est obligatoire en France depuis 1999 [169] et que l'on compte 7,4 millions de chiens en France [131], le potentiel de cette source d'informations semble important. Les technologies liées au big data permettraient de traiter l'ensemble des données sans avoir besoin d'échantillonner la population, ce qui enlèverait a priori tout biais de sélection. Dans la pratique cependant, la compagnie d'assurance SantéVet estimait, en 2013, que plus de 20% des chiens français n'étaient pas encore identifiés [170].

Il existe de nombreuses autres sources de données, telles que les fabricants d'aliments pour animaux, la grande distribution ou l'industrie pharmaceutique vétérinaire. Cependant, leur exploitation dans un but scientifique a pour l'instant été impossible, notamment parce qu'elles sont souvent tenues confidentielles [126].

A travers ces différents exemples, on se rend compte que le phénomène du big data apporte beaucoup d'informations qui étaient jusqu'alors manquantes. Cependant, ces informations sont liées à la base de données dont elles proviennent ; or les bases ont toutes des caractéristiques différentes, selon leur structure, leur mode de création et les sujets qu'elles concernent. Ainsi, aucune base de données n'est parfaite et exhaustive. C'est la raison pour laquelle plusieurs études ont recoupé des bases de données différentes, en intégrant toutes ces informations. Par exemple, les enquêtes menées auprès des propriétaires peuvent par exemple servir à définir la population à risque représentative, donnant ainsi un dénominateur aux études épidémiologiques [64], une population témoin pour la détermination de facteurs de risque [129], ou un moyen d'évaluer la représentativité d'une sous-population [126]. De même, l'utilisation des données des compagnies d'assurance a été validée dans une étude suédoise par comparaison avec les dossiers médicaux de cliniques vétérinaires [71]. Chaque type d'étude a des avantages et des limites différents. La qualité de l'information est donc augmentée par la confrontation de différents travaux, de différentes bases de données, et les résultats les plus fiables sont ceux obtenus par des moyens différents [83]. Au-delà de la simple comparaison, certaines études ont véritablement intégré plusieurs bases de données. Plusieurs d'entre elles ont par exemple assemblé les bases de données du BVA et du Kennel Club anglais pour diverses races de chiens [172-174]. En effet, les chercheurs ont extrait de la base de données du BVA les scores de hanche et les composants de ce score de chiens de race enregistrés au Kennel Club, avant d'utiliser la base de données du Kennel Club pour retrouver les parents et grands-parents de ces chiens, et enfin en retour obtenir les scores de hanche de ces derniers. Ils ont ainsi fusionné les deux bases de données ensemble, les complétant ainsi l'une et l'autre. Dans le cas du Labrador retriever, la nouvelle base de données finale comportait des informations sur 472 435 animaux [174]. Cette manœuvre a permis d'évaluer l'hérédité génétique de la dysplasie concernant d'une part la mère et d'autre part le père, déterminant ainsi l'importance du score de chaque parent, et même de proposer un modèle pour l'estimation du score du futur chiot à partir de celui des reproducteurs. Cette étude donne donc des recommandations en matière d'élevage et offre aux éleveurs un outil pour la sélection des reproducteurs. En plus de cela, l'analyse a montré que les mâles étaient plus atteints que les femelles. Etant donné que, pour la dysplasie de la hanche, l'hérédité du père

est plus importante que celle de la mère, cela souligne l'importance du dépistage des mâles. Enfin, l'analyse de ces données a montré que les pratiques d'élevage courantes étaient actuellement orientées vers la reproduction de chiens testés, mais pas strictement celle des animaux ayant obtenu les scores les plus intéressants, ce qui permet de se rendre compte de la situation actuelle et des voies d'amélioration sur lesquelles se concentrer. D'autres projets comme VetCompass souhaitent allier leurs données à celles du Kennel Club pour progresser dans l'étude des troubles héréditaires chez les chiens de race [246, 247].

Le big data a donc permis une avancée massive pour toutes les études de population. Dans l'étude de la démographie, de l'épidémiologie-surveillance des maladies infectieuses, la prévalence et l'incidence de toutes sortes d'affections et même de syndromes, dans le domaine de la pharmacovigilance, mais aussi de la génétique et de l'élevage, le big data a déjà apporté de précieuses informations qui étaient restées jusqu'à maintenant inaccessibles. De nouveaux facteurs de causalité, qu'il faudra investiguer par d'autres moyens, ont pu être identifiés et ainsi apporter une contribution importante à la médecine préventive. Les nouveaux outils technologiques du big data permettent d'informer, de guider les décisions des praticiens et d'améliorer sa communication avec le client, mais aussi de prioriser les axes de recherche et de communication. Des systèmes de cartographie en temps réel des troubles des animaux de compagnie prennent actuellement de l'ampleur dans le monde entier, VetCompass et le Small Animal Veterinary Surveillance Network (SAVSNET) [175] suivant le même chemin que DiseaseWatchdog. Les systèmes de la technologie de l'information sont capables d'accumuler de plus en plus de données, provenant maintenant de sources parfois variées et sous des formats différents. Le SAVSNET recueille ainsi à la fois les dossiers médicaux informatisés sous forme structurée et sous forme de texte, mène en même temps des enquêtes auprès des praticiens, et ajoute à cela les données transmises par les laboratoires sur les tests diagnostiques réalisés et leurs résultats [117, 176]. Le big data est aussi essentiel pour l'analyse du génome canin, qui a beaucoup à apporter. L'accès croissant au génotypage et au séquençage complet du génome permettront d'inclure la génétique et l'épigénétique aux nouveaux facteurs de risque jouant un rôle dans les maladies canines [40]. Le projet Dogslife a ainsi récolté des échantillons buccaux afin de comparer le génotype et le phénotype des animaux. Si cette opération est répétée, le projet pourra évaluer d'éventuels changements génétiques et épigénétiques, puis, grâce aux réponses des propriétaires aux questionnaires, rechercher des facteurs environnementaux liés à ces variations. Comme l'espèce canine a une durée de vie plus courte que l'espèce humaine et que ces deux espèces vivent souvent dans les mêmes conditions, les éventuelles associations découvertes pourraient constituer des pistes pour la santé humaine. Ainsi le volume, la vitesse et la variété du big data sont-ils exploités par la science. Certaines bases de données vont étendre leur champ d'action, comme VetCompass qui sera bientôt international [2]. On pourra par la suite envisager le rapprochement voire la fonte de différentes bases de données entre elles [83], créant ainsi une « super-base » plus complète. Cette mise en commun peut même permettre de compléter certaines données manquantes et ainsi d'accroître la qualité de l'information, notamment dans le cas des fichiers de pedigree et des informations génétiques qu'on peut en tirer [157]. Pour faciliter cette accumulation des données diverses, une meilleure standardisation des enregistrements et des améliorations technologiques sont encore nécessaires. En effet, certains systèmes de recueil de dossiers, comme le VMDB, de surveillance, comme le NCASP, ou de codage, comme SNOMED, connaissent un déclin lié à leur manque d'utilisateurs [2], ce qui montre qu'un véritable savoir-faire est nécessaire pour développer des systèmes d'informations suffisamment attractifs et efficaces pour être utiles et viables. Des progrès restent à faire notamment concernant l'exploitation des données sous forme de texte libre (dont l'exploitation fournit pour l'instant des informations à prendre avec précaution, mais qui recèlent un vrai potentiel dans la richesse et la précision des données cliniques [2, 18, 35, 117]) ou encore concernant la véracité du big data. La qualité de l'information est encore très

variable selon les bases de données, les études et les questions auxquelles on cherche à répondre, et qui doivent être correctement définies [71]. De nombreuses données sont pour l'instant toujours manquantes, bien que les moyens de pallier ces manques émergent de plus en plus, par exemple à l'aide de tests statistiques [157] ou en regroupant plusieurs bases de données. Avec respectivement 71 et 75 millions de chiens rien qu'aux Etats-Unis et en Europe, et deux visites vétérinaires recommandées par an [23], l'essor du big data ne fait que commencer. Cette quantité d'informations doit être traitée avec prudence, dans le sens où toutes les bases de données dont nous disposons actuellement sont imparfaites, puisqu'elles ne parviennent pas à décrire la population dans son ensemble. De plus, la difficulté principale réside probablement dans le traitement et l'interprétation de toutes ces données. Les outils statistiques utilisés doivent être choisis avec soin afin d'obtenir des conclusions ayant une véritable valeur scientifique. En effet, des méthodes ou des modèles statistiques différents peuvent donner des résultats contraires. Les résultats des statistiques uni- et multivariées donnent ainsi fréquemment des résultats divergents [14, 183, 211]. De plus, les études de grande ampleur sont plus susceptibles de détecter des différences statistiquement significatives pour des effets n'ayant en réalité qu'une influence négligeable [185]. Cependant, en gardant en tête les limites liées aux procédés actuels, le big data apporte déjà un réel progrès pour la santé et le bien-être canins.

Si l'évaluation des performances de reproduction des animaux de production (bovins, porcins ...) à l'échelle de la population est bien documentée, il n'en va pas de même pour l'espèce canine, où les études épidémiologiques sont longtemps restées rares. Par rapport au chien, les animaux de production ont bénéficié d'une meilleure traçabilité du fait de leur impact sur la santé humaine et leur importance pour la nutrition humaine, ce qui pourrait expliquer l'avancée plus importante de nos connaissances pour ces espèces. De plus, la chienne est une espèce qui a peu d'épisodes de chaleurs au cours de sa vie, ce qui réduit les possibilités d'étude d'un cycle, et dont les caractéristiques reproductrices ont une grande variabilité inter-raciale et inter-individuelle. Afin de tirer des conclusions au niveau de l'espèce, voire de la race, il est donc nécessaire de disposer pendant plusieurs années d'un nombre d'individus et de races important. L'exploitation de bases de données avec les technologies du big data semble donc un outil de choix pour l'étude de la physiologie de la reproduction de l'espèce canine et de la mortalité des chiots. En plus de l'avantage éthique comparé à une étude réalisée sur des animaux dédiés à la recherche, aucun laboratoire ne pourrait entretenir un nombre d'animaux aussi important que celui des bases de données auxquelles nous avons aujourd'hui accès. Pour l'instant, la littérature épidémiologique concerne principalement la mortalité des chiots, qu'elle soit périnatale, néonatale ou post-sevrage. Les effectifs les plus importants avoisinent généralement les 2 000 chiots pour des études réalisées dans le monde entier [182, 183, 211] parfois uniquement chez une race particulière [179, 184], parfois pour une population de chiens de races diverses [179-184]. Il s'agit le plus souvent d'études prospectives primaires. Cependant, des études ont largement dépassé ces effectifs en exploitant les bases de données de kennel clubs. Aux Etats-Unis, une étude rétrospective a analysé les distributions raciale, géographique et saisonnière des naissances enregistrées à l'American Kennel Club de 87 880 portées nées entre 1971 et 1973. Elle a détecté une distribution saisonnière des naissances, ainsi qu'un facteur de variation de la taille de la portée et du sex ratio : la race [207]. De même, Tonnessen et al. ont utilisé les registres du Kennel Club Norvégien [183] : les auteurs ont pu exploiter, pour 10 810 portées enregistrées par les éleveurs en 2006 et 2007, soit 58 439 chiots de 224 races, la date de naissance, le nombre de chiots nés vivants et de mort-nés, ainsi que le nombre de chiots vivants à 7 jours après la naissance. Plus de 90% des chiens de race de Norvège étant inscrits au Kennel Club, l'analyse de ces données a permis d'obtenir des informations sur la prolificité et la mortalité péri- et néonatale de l'élevage canin norvégien et de déterminer des facteurs de risque pour chacun de ces paramètres aboutissant à des recommandations pour les

éleveurs. Il faut cependant garder à l'esprit que les registres des kennel clubs ne concernent souvent que les saillies fructueuses, ayant donné lieu à une mise-bas comportant des chiots vivants. Il y a donc une probable sous-estimation des nombres de saillies, de mise-bas et de chiots morts, qui ne sont pas toujours enregistrés par les éleveurs, notamment dans le cas où tous les chiots de la portée sont morts. En effet, les portées ne sont souvent enregistrées qu'entre 4 et 8 semaines d'âge. Les chiots morts avant cette date ne sont donc pas signalés, et la taille de portée moyenne ainsi obtenue s'en trouve sous-estimée.

En France, en plus de ce problème de sous-estimation, la proportion de chiens de race inscrits au LOF est bien moins importante (seulement un tiers). Le LOF n'a donc pas alimenté d'étude à grande échelle sur la prolificité et la mortalité péri- et néonatale canines. Ainsi, on ne dispose pour l'instant pas, en France, d'informations sur les performances de reproduction de l'élevage canin.

Pourtant, ces données seraient intéressantes à la fois pour la communauté scientifique, qui pourrait prioriser les actions à mener et déterminer de nouveaux facteurs pour améliorer ces performances, et pour les éleveurs, qui pourraient situer leurs performances par rapport à une moyenne nationale selon la race choisie.

Dans cette étude, nous avons exploité une base de données fournie par la société privée Royal Canin (Aimargues, France). Royal Canin est une société qui produit des aliments haut de gamme pour animaux de compagnie. Elle propose aux éleveurs de sa clientèle un logiciel de gestion : le Breeding Management Support (BMS) (Version 2010, Royal Canin, Aimargues, France). Celui-ci dispose notamment d'un agenda, et permet aux éleveurs d'indiquer quels animaux sont mis à la reproduction et combien de chiots sont nés. Depuis 2010, Royal Canin a fait de la promotion du BMS l'un de ses objectifs, et le logiciel a enregistré aujourd'hui des informations provenant de 5 667 élevages différents répartis à travers toute la France, et concernant 37 946 portées et rassemblant 204 537 chiots. Le but de cette étude est dans un premier temps d'obtenir des données descriptives sur la fertilité, la prolificité et la mortalité des chiots dans l'élevage canin français, et dans un deuxième temps de déterminer des facteurs influençant ces performances d'élevage.

# DEUXIEME PARTIE : MATERIEL ET METHODES

## I. DONNEES

Une extraction des données stockées par BMS a été réalisée le 18 novembre 2014 par Royal Canin. Ces informations nous ont été transmises sous la forme d'un fichier Excel de 38 colonnes par 63 503 lignes (titres inclus), chaque ligne correspondant à une saillie. Aucune cellule n'était vide. Si aucune information n'avait été entrée dans le logiciel, la cellule contenait la mention « NULL ». Le titre des différentes colonnes et les réponses possibles pour chacune d'elles sont indiqués dans l'Annexe 1.

Pour chaque saillie, le fichier comprenait des informations concernant l'élevage, les reproducteurs, les événements liés à la reproduction, et le cas échéant, la portée. Certaines données n'ont pas été exploitées car renseignées de manière trop approximative ou en trop faible nombre, telles que la « Date d'échec de la saillie », la « Raison de l'échec de la saillie » et la « Date du diagnostic de gestation ». Cependant, elles ont fait partie des colonnes dont nous nous sommes servies pour déterminer si la chienne était gestante. Nous avons décidé de ne pas exploiter les informations données par la colonne indiquant si la femelle provenait de l'élevage concerné ou non. Enfin, nous souhaitons nous concentrer sur les indicateurs de performance de reproduction plutôt que sur l'aspect économique de l'élevage canin. Nous n'avons donc pas exploité les données relatives au devenir des chiots et supprimé les colonnes « Nombre de chiots vendus », « Nombre de chiots donnés », « Nombre de chiots quittant l'élevage » et « Nombre de chiots dans l'élevage ».

Un fichier différent fut créé pour l'âge des chiots à leur mort. En effet, BMS ne propose d'entrer une éventuelle date de mort que pour 10 chiots, alors que la taille de nos portées atteignait 24 chiots. De plus, les éleveurs indiquaient parfois le nombre de chiots morts mais pas les dates de mort correspondantes. Nous n'avons donc utilisé ces données que pour évaluer la distribution de l'âge des chiots à leur mort. Sur ce point, nous n'avons pris en compte que les chiots nés vivants.

Nous avons conservé intactes les colonnes de numéro d'identification (chaleur, saillie, élevage, mâle, femelle) et celle indiquant si le mâle reproducteur faisait partie de l'élevage.

Enfin, nous avons utilisé les données à notre disposition pour obtenir de nouveaux paramètres. Chaque race a été classée dans un format racial et dans un groupe racial. L'encyclopédie [9] et/ou le site de Royal Canin [36] ont été consultés pour déterminer à quel format racial, défini par le poids de l'animal à l'âge adulte, appartenait chaque race. Les poids correspondant à chaque format racial sont indiqués dans l'Annexe 2. Nous avons parfois dû recourir à d'autres sites Internet pour nous procurer des informations sur le poids de certaines races, tels que le site de la FCI [250] ou le site Chiensderace [249]. L'ensemble des races faisant partie du fichier final et le format racial dans lequel elles sont classées sont indiqués dans l'Annexe 3. Nous avons également utilisé les supports Royal Canin (et le site de la FCI [250]) pour déterminer à quel groupe FCI chaque race appartenait. Ces 10 groupes et les races de chien du fichier y appartenant sont décrits dans les Annexes 4 et 5.

L'âge de la femelle au début des chaleurs et celui du mâle lors de la saillie ont été calculés à partir des dates de naissance, et respectivement de début des chaleurs et de saillie, par une soustraction. Ces âges ont ensuite été arrondis à l'entier inférieur (en années). La durée de l'intervalle entre les dates de début de chaleur et de saillie a été calculée, ainsi que

celle de l'intervalle entre les dates de saillie et de mise-bas. La saison de saillie et de mise-bas a été déterminée à l'aide des dates correspondantes (Annexe 6).

Concernant les chiots, nous avons obtenu les nombres de chiots vivants à la naissance, mort-nés, mâles, femelles et la taille de la portée simplement par différentes additions. L'âge des chiots à leur mort a été déterminé en utilisant les dates de mise-bas et de mort, par soustraction.

Nous avons ensuite créé des colonnes destinées au calcul des indicateurs de performances de reproduction : « Gestation », « Avortement », « Mise-bas », « Mortinatalité », « Mortalité post-natale » et « Mortalité totale ». Les colonnes « Gestation », « Avortement » et « Mise-bas » étaient, dans notre fichier, des paramètres binaires qui indiquaient si l'événement avait eu lieu ou non au cours de l'épisode de reproduction. Ainsi, pour une ligne donnée (correspondant à une saillie), la colonne « Gestation » contenait 0 si la chienne était restée vide et 1 si elle avait été gestante à un moment donné, quelle qu'en soit l'issue. Nous avons déterminé si la chienne avait été gestante, avait avorté ou mis bas selon les conditions décrites dans l'Annexe 7.

Sous ces conditions, 76 lignes comportaient le chiffre 1 à la fois dans la colonne Avortement et dans la colonne Mise-bas. Comme ces lignes comportaient aussi toutes un nombre de chiots nés vivants non-nul, nous avons considéré qu'une mise-bas avait bien eu lieu. Nous avons donc changé manuellement les chiffres de la colonne Avortement en 0.

Les colonnes « Mortinatalité », « Mortalité post-natale » et « Mortalité totale » sont aussi des paramètres binaires qui décrivent respectivement la mortinatalité, la mortalité post-natale et la mortalité totale à l'échelle de la portée. Ainsi, s'il y a au moins un chiot mort-né, la colonne Mortinatalité comportera le chiffre 1. De même, s'il y a au moins un chiot mort mais qui était vivant à la naissance, la colonne Mortalité post-natale comportera le chiffre 1. La mortalité totale, elle, englobe à la fois la mortinatalité et la mortalité post-natale, et comportera le chiffre 1 du moment qu'au moins 1 chiot est mort indépendamment du moment de l'événement.

Comme nous souhaitions raisonner en termes de succès ou non d'un épisode de reproduction, nous voulions passer d'un fichier où chaque ligne correspondait à une saillie à un fichier où chaque ligne correspondrait à une période de chaleur. De plus, dans le cas où la chienne a été saillie plusieurs fois, la saillie fécondante n'est pas forcément la dernière en date. Nous devons donc éliminer les lignes des saillies infructueuses ainsi que les lignes ayant le même numéro d'identification mais correspondant à plusieurs épisodes de chaleur.

Afin d'éliminer les données aberrantes, nous avons établi des limites pour plusieurs paramètres, qui sont décrites dans le Tableau 1.



*Tableau 1. Définition d'intervalles limites pour différents paramètres*

<b>Paramètre</b>	<b>Limites</b>
Âge de la chienne au début des chaleurs	Compris entre 4 mois et 9 ans
Âge du mâle à la saillie	Compris entre 4 mois et 10 ans
Intervalle Chaleur-Saillie	Compris entre 0 et 40 jours
Intervalle Saillie-Mise-bas	Compris entre 55 et 80 jours
Âge du chiot à sa mort	Compris entre 0 (exclus) et 60 jours
Taille de la portée, Nombre de chiots nés vivants, mort-nés, mâles, femelles, ...	Compris entre 0 et 24 chiots
Nombre de chiots morts (nés vivants)	≤ Nombre de chiots nés vivants

Dans le but de conserver le maximum de données exploitables, nous avons remplacé toute donnée aberrante par un « . » plutôt que de supprimer la ligne entière. Ainsi, par exemple, si le nombre de chiots nés était aberrant, nous conservions tout de même l'information sur la gestation. Il y a cependant 2 lignes que nous avons dû supprimer entièrement, parce qu'elles comprenaient à la fois une date d'avortement et une date de mise-bas différentes l'une de l'autre et aucun chiot né vivant.

Le fichier final comporte 28 colonnes et 46 394 lignes (titres inclus). Le pourcentage de données manquantes pour chaque colonne. Les pourcentages de données manquantes sont détaillés dans l'Annexe 8 ainsi que les colonnes, les formules utilisées.

Les graphiques ont été créés soit sur Microsoft Excel (Office 365, Microsoft Corporation, Redmond, WA, USA) soit sur JMP (Version 12, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA). Concernant les histogrammes, chaque barre d'erreur est construite en utilisant l'erreur standard 1 de la moyenne.

## **II. OUTILS STATISTIQUES**

Nous avons réalisé une analyse multivariée pour les paramètres Gestation, Mise-bas, Avortement, Prolificté, Mortinatalité, Mortalité post-natale et Mortalité totale. En cas de significativité d'une variable, une analyse univariée était ensuite effectuée. L'ensemble des variables a été testé pour chaque paramètre mais nous ne montrerons que les résultats significatifs.

### **A. Variables**

Les variables qualitatives étaient le format racial, la provenance du reproducteur (mâle appartenant ou non à l'élevage) et la saison de saillie ou la saison de mise-bas selon le paramètre.

Nous avons utilisé à la fois des variables quantitatives et qualitatives. Les variables quantitatives étaient l'âge de la mère, l'âge du père et la taille de la portée (nombre de chiots nés total ou nombre de chiots nés vivants selon les cas). Pour des raisons pratiques, les âges des mâles et des femelles ont été répartis en 3 groupes définis de manière biologique pour réaliser les tests statistiques univariés. Le groupe Jeune comprend les parents de moins de 2 ans, âge auquel la croissance est généralement terminée quel que soit le format racial. Le

groupe Adulte regroupe les parents de 2 à 6 ans inclus, et le groupe Senior comprend les parents de plus de 6 ans. En effet, plusieurs publications montrent une diminution des performances reproductives autour de 6 ans [187, 188, 192, 201]. De même, nous avons divisé les tailles de portées en 3 groupes pour effectuer les tests univariés. Cette fois, nous avons analysé la distribution de la taille de portée au sein de chaque format racial (données non montrées), et nous avons choisi le premier quartile comme premier seuil et le troisième quartile comme second. Les différents groupes selon le format racial sont indiqués dans le Tableau 2. Concernant la mortalité des chiots, le sex ratio a également été testé. Cette fois, les groupes distinguaient les portées comportant plus de chiots mâles que de chiots femelles (M), autant de mâles que de femelles (E), ou davantage de femelles que de mâles (F).

*Tableau 2. Définition des groupes de tailles de portée selon le format racial*

	<b>Petites portées (P)</b>	<b>Portées moyennes (M)</b>	<b>Grandes portées (G)</b>
<b>Mini</b>	< 3	3 - 7	> 7
<b>Medium</b>	< 4	4 - 8	> 8
<b>Maxi</b>	< 5	5 - 9	> 9
<b>Giant</b>	< 5	5 - 10	> 10

## **B. Modalités de l'analyse statistique**

Pour chaque question biologique posée, nous avons d'abord réalisé une analyse multivariée pour déterminer l'influence du paramètre étudié sur la variable concernée. Lorsque l'effet d'un paramètre était considéré comme significatif dans notre modèle multivarié, nous réalisions des analyses univariées.

Pour les variables de fertilité (gestation, avortement, mise-bas) et la prolificité, nous avons testé plusieurs modèles multivariés, en particulier avec et sans interactions, et sélectionné celui pour lequel l'AIC (critère d'information d'Akaike) était le plus bas. Pour réaliser ces statistiques multivariées, nous avons utilisé le logiciel SAS (Version 9.3, SAS Institute Inc., Cary, N.C., USA). Pour les variables qualitatives (format racial, provenance du mâle, saison de saillie ou de mise-bas), nous avons utilisé les Odds Ratio (OR), qui constituent une approximation du risque que l'événement évalué se réalise. Les OR étaient calculés à l'aide du logiciel SAS (Version 9.3, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA). Quant aux variables quantitatives (âge des parents, taille de portée), elles ont fait l'objet de tests du Khi2 réalisés avec le logiciel Epi Info (Version 7, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, GA, USA), sauf en ce qui concerne la Prolificité, où c'est le test de l'ANOVA qui a été utilisé, à l'aide du logiciel Tanagra (Version 1.4.48, Data Mining, Lyon, France).

Pour les variables de mortalité des chiots (mortalité, mortalité post-natale, mortalité totale), nous avons réalisé une analyse multivariée à l'aide du logiciel Tanagra (Version 1.4.48, Data Mining, Lyon, France) puis des tests du Khi2, avec le logiciel Epi Info (Version 7, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, GA, USA) pour tous les paramètres.

Les seuils de significativité utilisés dans les différents cas sont reportés dans le Tableau 3. Pour chaque variable, tous les paramètres ont été testés, mais seuls les résultats significatifs sont exposés dans la partie suivante. Sur les Figures, les barres d'histogramme portant des lettres différentes indiquent une différence significative.

*Tableau 3. Valeurs seuil de significativité*

Type d'analyse	Niveau de test	Paramètre	Valeur seuil
Analyse multivariée	Effet	Tous	$P < 0,05$
	Risque (OR)	Tous	Intervalle de confiance excluant 1
Analyse univariée	Effet	Tous	$P < 0,05$
	Différence	Format racial	$P < 0,008$
		Âge des parents	$P < 0,017$
		Saison de saillie	$P < 0,008$
		Taille de portée	$P < 0,008$
		Sex ratio	$P < 0,008$

# TROISIEME PARTIE : RESULTATS

## I. DESCRIPTION DE LA POPULATION

Le premier épisode de chaleur enregistré date de 2003 mais plus de 99% des chaleurs ont été enregistrées entre 2010 et 2014.

Le nombre d'élevages (ID élevage), de reproductrices (ID femelle), de reproducteurs (ID mâle) et d'épisodes de chaleur (ID chaleur) inclus dans l'analyse sont décrits dans le Tableau 4, ainsi que le nombre maximum de fois qu'un numéro d'identification (ID) a été répété dans le fichier de données. Au total, nos résultats portent également sur 204 537 chiots.

*Tableau 4. Effectifs des chaleurs, élevages et reproducteurs*

Paramètre	Effectif	Nombre maximum d'occurrences
ID chaleur	46 393	1
ID élevage	5 667	473
ID femelle	27 221	13
ID mâle	18 471	55

### A. Elevages

Sur les 5 667 élevages, 91% contribuent jusqu'à 20 épisodes de chaleurs, ce qui correspond à 45% de toutes les chaleurs enregistrées. Sur les 27 221 chiennes, 92% ne contribuent pas de plus de 3 fois au fichier, ce qui correspond à 78% des chaleurs enregistrées.

*Figure 1. Distribution du nombre de chaleurs enregistrées par élevage (n = 46 393)*

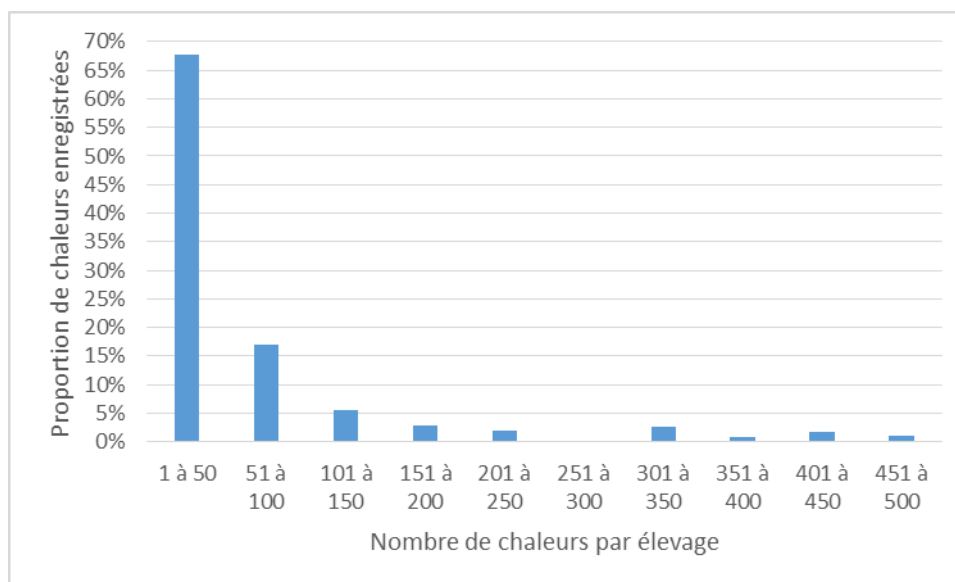
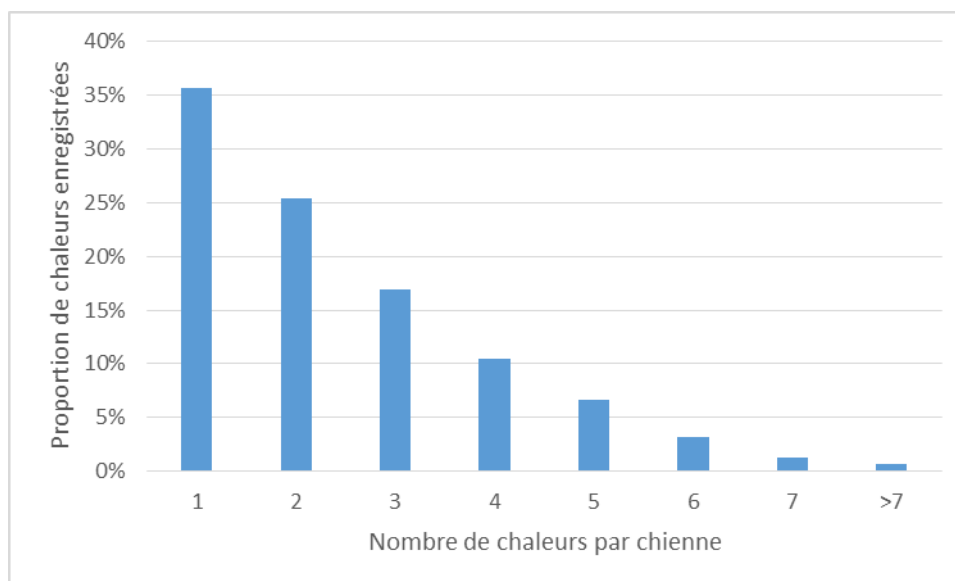


Figure 2. Distribution du nombre de chaleurs enregistrées par chienne (n = 46 393)



## B. Race, format racial et groupe FCI

### 1. Race

Sur un nombre total de 46 393 épisodes de chaleur ayant produit 204 537 chiots, cette étude regroupe 248 races, dont la liste est donnée dans le Tableau 5, avec le nombre de chaleurs et de chiots nés associés à chacune d'elles. Les 10 races les plus représentées contribuent à hauteur de 46% des chaleurs. Ces 10 races ainsi que leur distribution en nombre de chaleurs sont détaillées dans le Tableau 6.

Tableau 5. Contribution de chaque race en nombre de chaleurs et de chiots nés

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Affenpinscher	11	40
Aïdi - chien de l'atlas	10	71
Airedale terrier	20	144
Akita américain	22	100
Akita inu	53	313
American staffordshire terrier	437	2718
Anglo français de petite venerie	7	56
Ariègeois	24	104
Azawakh	4	23
Barbu tchèque	10	77
Barzoï	26	164
Basenji	16	70
Basset artésien normand	12	98
Basset bleu de gascogne	18	107
Basset des Alpes	26	150
Basset fauve de Bretagne	59	284
Basset hound	212	1007
Beagle	634	2881

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Beagle harrier	17	106
Bearded collie	91	422
Berger allemand	1805	9222
Berger allemand poil long	6	29
Berger australien kelpie	27	179
Berger australien shepherd	951	5911
Berger belge groenendael	83	492
Berger belge laekenois	14	85
Berger belge malinois	787	5618
Berger belge tervueren	176	1146
Berger blanc suisse	440	2609
Berger bosnie herzégovine et croatie	2	7
Berger d'anatolie	22	192
Berger de beauce	492	3140
Berger de brie	23	158
Berger du caucase	25	102
Berger hollandais à poil court	95	570
Berger hollandais à poil long	8	36
Berger picard	14	96
Berger polonais de plaine	24	152
Berger yougoslave	15	60
Bichon à poil frisé	668	2330

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Bichon bolonais	9	26
Bichon havanais	198	920
Bichon maltais	593	1871
Bobtail	18	85
Border collie	340	1953
Border terrier	63	266
Boston terrier	121	354
Bouledogue americain	84	584
Bouledogue francais	2258	8571
Bouvier de l'appenzell	17	110
Bouvier australien	12	51
Bouvier bernois	636	3224
Bouvier de l'entlebuch	1	2
Bouvier des flamands	27	200
Boxer	523	2649
Braque allemand a poil court	113	785
Braque d'auvergne	41	288
Braque de l'ariege	1	8
Braque de weimar a poil long	7	70
Braque de weimar a poil ras	158	1017
Braque du bourbonnais	1	6
Braque francais type gascogne	3	15
Braque francais type pyrenees	33	191
Braque hongrois a poil court	10	91
Braque hongrois a poil dur	2	18
Briquet griffon vendeen	1	7
Bruno du jura	10	52
Bull terrier	155	736
Bull terrier miniature	33	98
Bulldog	688	2515
Bullmastiff	65	356
Cairn terrier	300	1184
Cane corso - chien de cour italien	596	4037
Caniche moyen	23	87
Caniche nain	454	1540
Caniche royal	15	81
Caniche toy	164	336
Cao de fila de sao miguel	1	7
Carlin	592	2171
Cavalier king charles spaniel	3151	11389
Chien chinois a crete	157	611
Chien courant italien	11	75
Chien courant slovaque	12	81
Chien d'arret portugais	1	13
Chien d'arret allemand a poil long	1	7
Chien d'artois	1	20
Chien de berger catalan	6	23
Chien de berger de podhale - tatra	1	0
Chien de berger des pyrenees a face rase	9	37
Chien de berger des pyrenees a poil long	75	274
Chien de berger islandais	10	47
Chien de berger roumain des carpathes	1	0
Chien de canaan	14	74
Chien de montagne des pyrenees	83	520
Chien de rouge de baviere	1	9
Chien de rouge de hanovre	2	14
Chien de saint hubert	8	70
Chien d'eau espagnol	6	35
Chien d'eau romagnol	49	261
Chien d'elan norvegien	7	38

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Chien d'oyssel	20	124
Chien finnois de laponie	7	37
Chien loup de saarloos	21	115
Chien loup tcheque	50	228
Chien nu du perou moyen	14	72
Chien nu du perou petit	4	10
Chien nu mexicain	9	33
Chien suedois de laponie	1	4
Chihuahua	3694	10445
Chow chow	152	523
Cimarron uruguayen	1	10
Clumber spaniel	2	11
Cocker americain	179	699
Cocker anglais	1276	6014
Colley a poil long	311	1326
Coton de tulear	650	2527
Cursinu	1	7
Dalmatien	118	853
Dandie dinmont terrier	1	0
Dobermann	102	741
Dogue allemand	183	957
Dogue argentin	198	1161
Dogue de bordeaux	173	894
Dogue de majorque	5	33
Dogue des canaries	21	110
Dogue du tibet	19	93
Drahthaar	69	441
English toy terrier	1	4
Epagneul bleu de picardie	8	40
Epagneul breton	733	3840
Epagneul de pont audemer	1	8
Epagneul de saint usage	11	65
Epagneul francais	13	107
Epagneul japonais	73	193
Epagneul nain continental papillon	228	621
Epagneul nain continental phalene	4	7
Epagneul pekinois	100	261
Epagneul picard	4	31
Epagneul tibetain	188	686
Esquimaux du groenland	11	65
Eurasier	102	618
Field spaniel	4	17
Fila brasileiro	6	26
Fox terrier a poil dur	96	349
Fox terrier a poil lisse	110	406
Galgo espagnol	2	14
Golden retriever	1256	8098
Grand anglo-francais blanc et orange	1	0
Grand anglo-francais tricolore	2	9
Grand basset griffon vendeen	6	28
Grand bouvier suisse	21	111
Grand gascon saintongeais	35	238
Greyhound	3	16
Griffon belge	5	18
Griffon bleu de gascogne	4	42
Griffon bruxellois	14	44
Griffon d'arret a poil dur - korthals	86	589
Griffon fauve de bretagne	23	121
Griffon nivernais	8	46
Hovawart	18	120

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Husky siberien	484	2294
Jack russel terrier	1493	6070
Jagdterrier	113	510
Kerry blue terrier	8	36
King charles spaniel	38	131
Komondor	1	8
Labrador retriever	1456	8201
Landseer	22	137
Leonberg	103	649
Levrier afghan	8	64
Levrier irlandais - irish wolfhound	8	31
Lhassa apso	605	2519
Malamute d'alaska	113	658
Mastiff	48	254
Matin des pyrenees	2	15
Matin napolitain	12	54
Norfolk terrier	16	47
Old english bulldog	31	202
Parson russel terrier	161	707
Petit basset griffon vendeen	52	246
Petit bleu de gascogne	3	18
Petit brabancon	99	319
Petit chien courant suisse type bernois	1	0
Petit chien courant suisse type bruno du jura	9	26
Petit chien lion	21	42
Petit gascon saintongeais	7	70
Petit levrier italien	63	188
Petit munsterlander	68	533
Petit spitz	160	412
Pinscher allemand	5	15
Pinscher nain	583	1995
Podenco ibicenco (chien de garenne)	1	8
Podengo portugais petit	10	39
Pointer	100	603
Poitevin	2	16
Porcelaine	7	57
Rafeiro de alentejo	1	1
Ratier de prague	25	76
Retriever a poil plat	57	422
Retriever de la nouvelle ecosse	22	118
Rhodesian ridgeback	10	67
Rottweiler	355	1926
Russkiy toy	64	179
Saint bernard	176	931

Race	Nombre de chaleurs	Nombre de chiots
Saluki	5	15
Samoyede	126	552
Schapendoes	8	70
Schipperke	40	143
Schnauzer geant	20	102
Schnauzer moyen	13	108
Schnauzer nain	94	371
Scottish terrier	114	445
Setter anglais	417	2479
Setter gordon	60	452
Setter irlandais rouge	60	445
Setter irlandais rouge et blanc	2	13
Shar pei	301	1199
Shetland	505	1675
Shiba inu	113	395
Shih tzu	1689	6994
Silky terrier	36	127
Skye terrier	1	6
Sloughi	1	0
Spitz italien	9	14
Spitz japonais	48	177
Spitz loup	7	37
Spitz moyen	82	228
Spitz nain	413	1165
Springer spaniel	140	883
Staffordshire bull terrier	490	2056
Stichelharr	1	11
Teckel a poil dur	260	1133
Teckel a poil long	208	691
Teckel a poil ras	129	465
Teckel nain a poil dur	47	173
Terre-neuve	299	1627
Terrier bresilien	47	204
Terrier de boston moyen	1	4
Terrier du tibet	75	454
Terrier irlandais	2	6
Terrier tcheque	6	21
Welsh corgi cardigan	3	18
Welsh corgi pembroke	13	42
Welsh springer spaniel	2	3
Welsh terrier	12	45
West Highland White Terrier	837	2777
Whippet	117	733
Yorkshire terrier	3101	9550
Total général	46393	204537

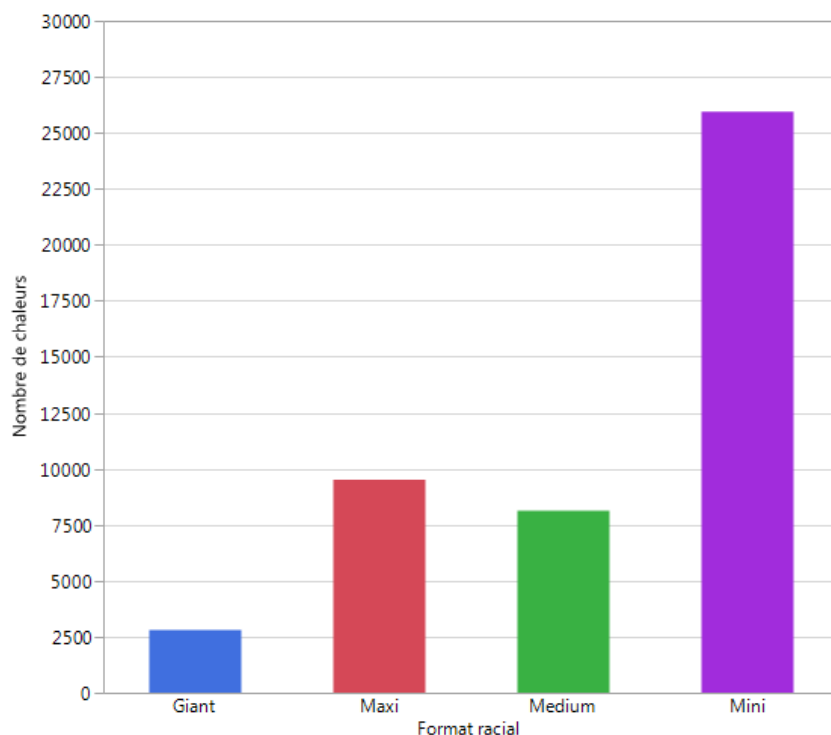
*Tableau 6. Les 10 races les plus représentées et leur distribution (n=21 179)*

Race	Nombre de chaleurs
Chihuahua	3 694
Cavalier king charles spaniel	3 151
Yorkshire terrier	3 101
Bouledogue francais	2 258
Berger allemand	1 805
Shih tzu	1 689
Jack russel terrier	1 493
Labrador retriever	1 456
Cocker anglais	1 276
Golden retriever	1 256

## **2. Format racial**

Les chiens de notre étude étaient répartis en 4 formats raciaux (Mini, Medium, Maxi et Giant). Leur distribution en nombre de chaleurs et en nombre de chiots est donnée respectivement dans la Figure 3 et le Tableau 7. Les chiennes du format Mini contribuent à hauteur de 55,9% des chaleurs et à 44,2% des chiots,

*Figure 3. Distribution des formats raciaux (n = 46 393)*





*Tableau 7. Distribution des formats raciaux en nombre de chiots (n = 204 537)*

<b>Format racial</b>	<b>Nombre de chiots</b>
Giant	15 931
Maxi	56 531
Medium	41 589
Mini	90 486

### **3. Groupe FCI**

Sur les 46 393 épisodes de chaleurs et les 204 537 chiots qui en ont découlé, les reproducteurs étaient répartis en 10 groupes FCI et un groupe Non reconnu. Leur distribution en nombre de chaleurs et de chiots est donnée dans le Tableau 8. Le groupe 9, qui correspond aux chiens d'agrément et de compagnie, contribue à hauteur de 34,4% des chaleurs et 27,3% des chiots.

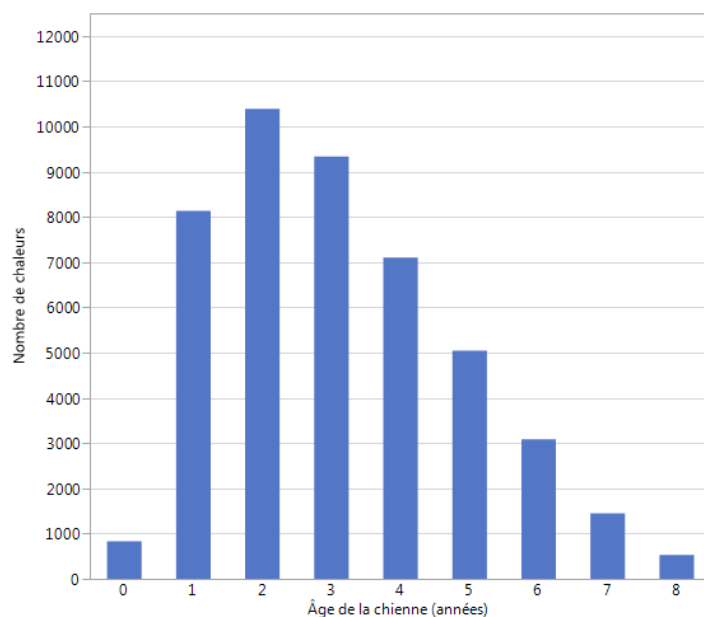
*Tableau 8. Distribution des groupes FCI en nombres de chaleurs et de chiots*

<b>Groupe FCI</b>	<b>Nombre de chaleurs</b>	<b>Nombre de chiots</b>
1	6 477	36 113
2	5 476	27 532
3	7 653	28 512
4	644	2 462
5	1 977	7 918
6	1 343	6 958
7	2 003	12 178
8	4 469	24 886
9	15 976	55 807
10	237	1 248
Non reconnu	138	923

### **C. Âge de la chienne à la mise à la reproduction**

Sur 46 393 chaleurs, l'âge médian des chiennes mises à la reproduction est de 3 ans lors du début des chaleurs. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 4 ans. L'âge moyen des chiennes de  $3,1 \pm 1,8$  ans. La distribution de l'âge des chiennes mises à la reproduction lors du début des chaleurs est donnée dans la Figure 4.

*Figure 4. Distribution de l'âge des chiennes à la mise à la reproduction (n = 46 393)*



○ Mini

Sur 25 707 chaleurs, l'âge médian des chiennes du format Mini mises à la reproduction est de 3 ans lors du début des chaleurs. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 4 ans. La moyenne est de 3,0 ans  $\pm$  1,7 ans.

○ Medium

Sur 8 007 épisodes de chaleurs, l'âge médian des chiennes du format Medium mises à la reproduction est de 3 ans lors du début des chaleurs. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 4 ans. La moyenne est de 3,3 ans  $\pm$  1,8 ans.

○ Maxi

Sur 9 405 épisodes de chaleurs, l'âge médian des chiennes du format Maxi mises à la reproduction est de 3 ans lors du début des chaleurs. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 5 ans. La moyenne est de 3,4 ans  $\pm$  1,7 ans.

○ Giant

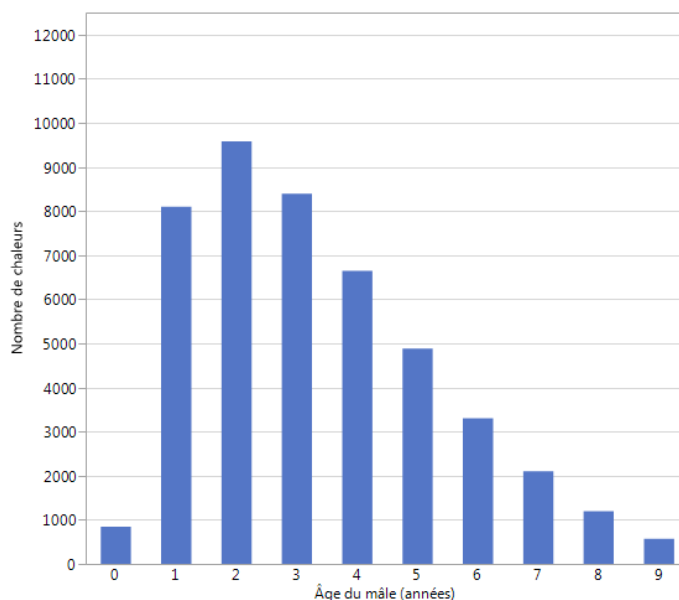
Sur 2 794 épisodes de chaleurs, l'âge médian des chiennes du format Giant mises à la reproduction est de 3 ans lors du début des chaleurs. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 4 ans. La moyenne est de 3,1 ans  $\pm$  1,6 ans.

## **D. Caractéristiques du mâle**

### **1. Âge du mâle**

Sur 46 393 saillies, l'âge médian des mâles utilisés est de 3 ans. Le premier quartile est de 2 ans et le troisième de 5 ans. La moyenne est de 3,3 ans  $\pm$  2,0 ans. La distribution de l'âge des mâles lors de la saillie est donnée dans la Figure 5.

*Figure 5. Distribution de l'âge des mâles (n = 46 393)*



### **2. Provenance du mâle**

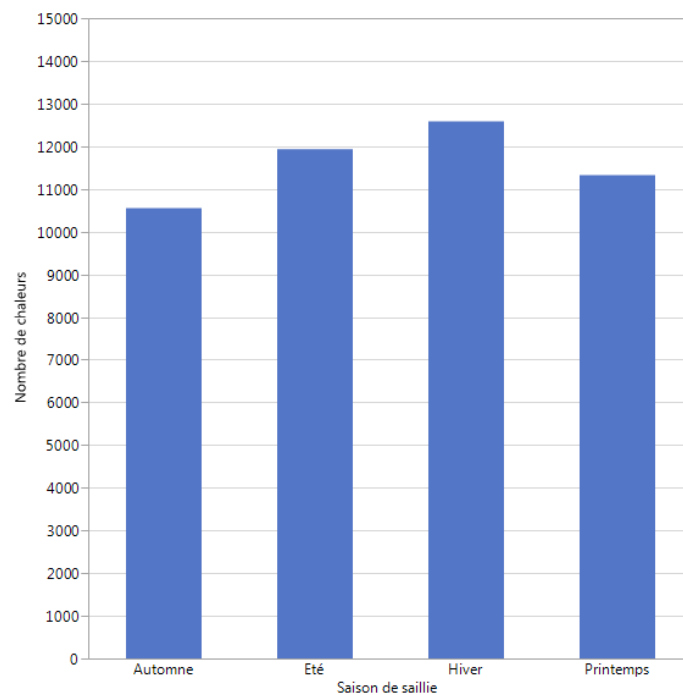
Sur 46 393 saillies, le mâle provient de l'élevage dans 88,5% des cas.

## **E. Saisonnalité**

### **1. Saison de saillie**

Sur un total de 46 393 saillies, entre 10 551 et 12 586 saillies ont été enregistrées selon la saison, soit un taux de saillie compris entre 22,7%, en automne, et 27,13%, en hiver. La distribution des saisons de saillie est donnée dans la Figure 6.

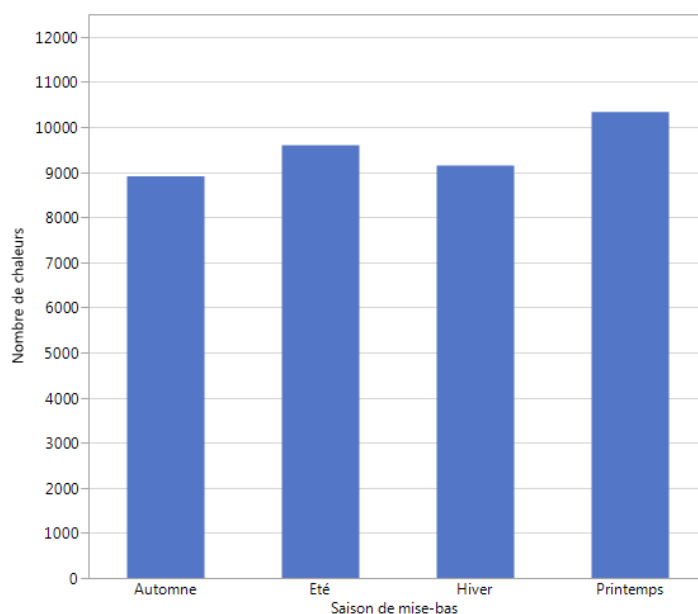
*Figure 6. Distribution de la saison de saillie (n = 46 393)*



## **2. Saison de mise-bas**

Sur un total de 37 985 mises-bas, on observe entre 8 911 et 10 331 mises-bas selon la saison, soit un taux de mise-bas compris entre 23,46%, en automne, et 27,20%, au printemps. La distribution des saisons de mise-bas est donnée dans la Figure 7.

*Figure 7. Distribution de la saison de mise-bas (n = 37 985)*

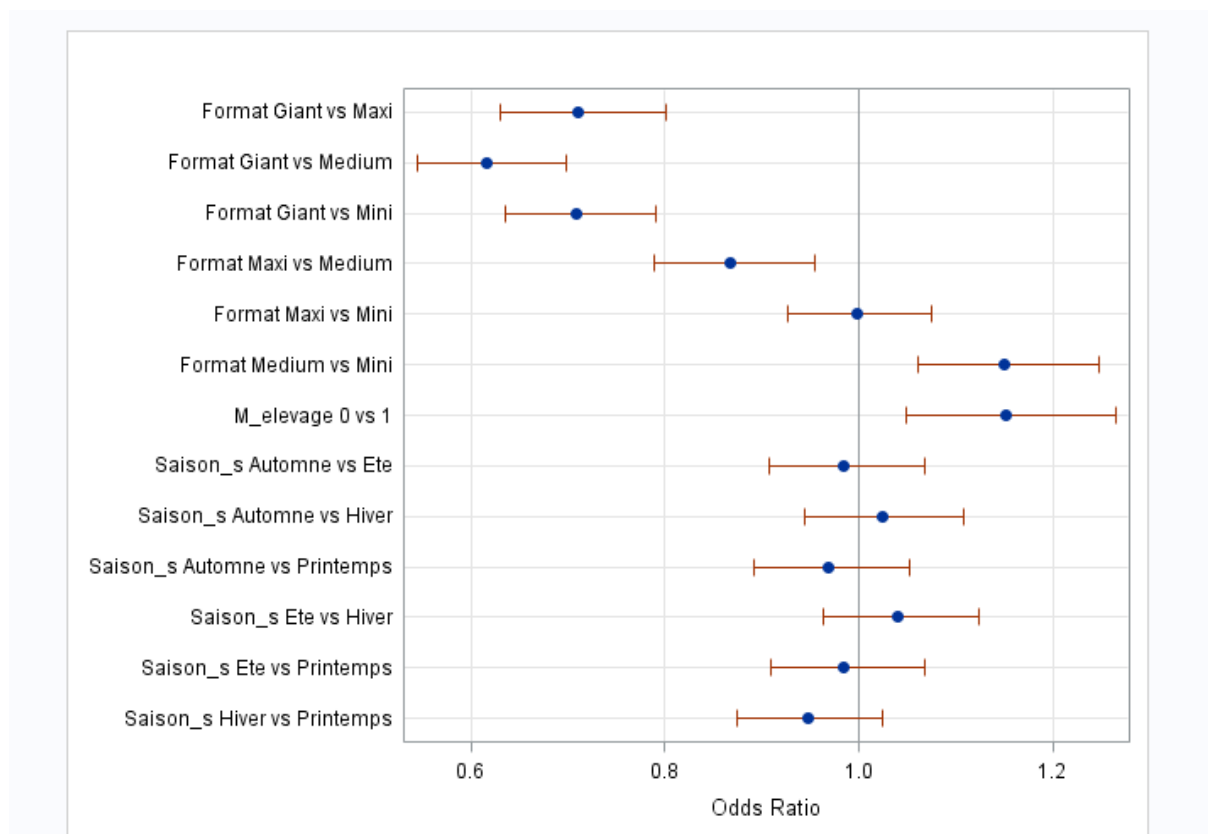


## II. FERTILITE

### A. Gestation

Le taux de gestation sur l'ensemble de la population étudiée est de 87,8% sur les 46 393 épisodes de chaleurs. Pour l'analyse statistique, nous avons testé les variables suivantes : le format racial, l'âge de la chienne, l'âge du mâle, la provenance du mâle (appartenance ou non au même élevage que la chienne) et la saison de saillie. Le modèle choisi est une régression logistique ([Proc logistic]) sans interaction. Les paramètres ayant un effet sur la gestation sont le format racial, l'âge de la chienne, l'âge du mâle et la provenance du mâle. Les OR sont donnés dans la Figure 8.

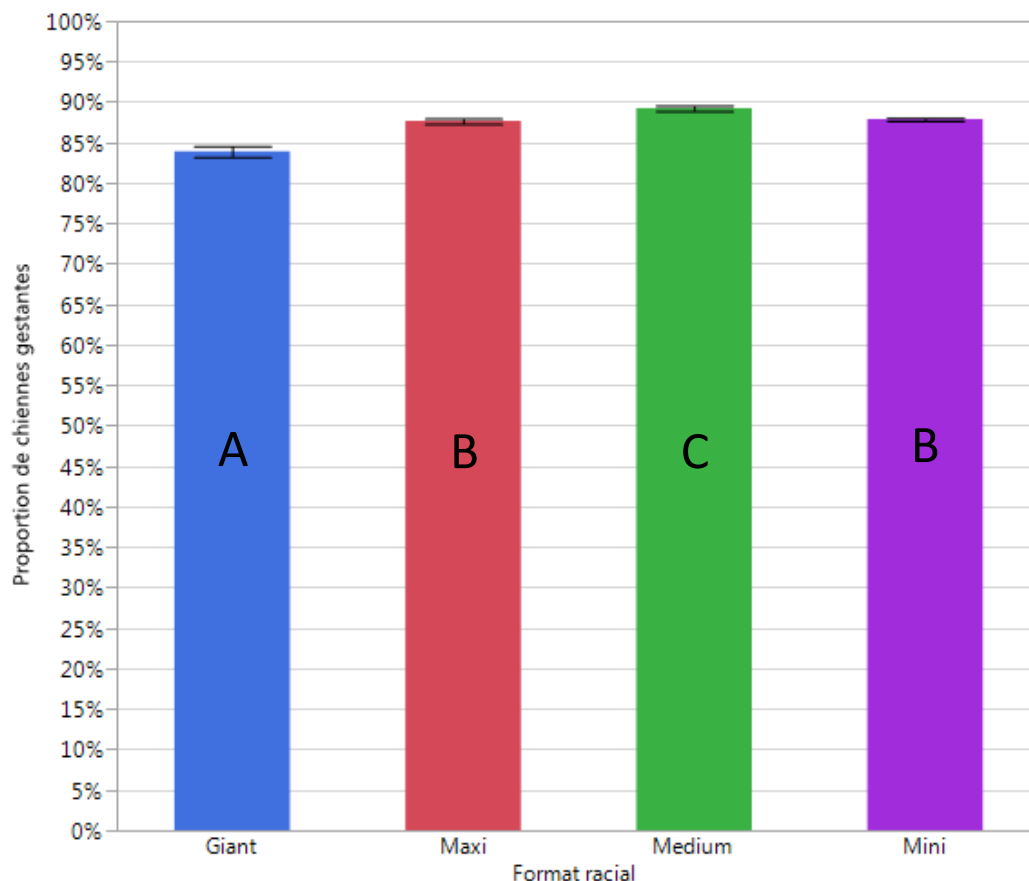
*Figure 8. Rapports de cotes pour la gestation (intervalles de confiance de Wald à 95%)*



#### 1. Influence du format racial

D'après notre modèle, le format racial a une influence fortement significative sur la gestation ( $P < 0,0001$ ). Les OR (Figure 8) indiquent que les chances de gestation sont plus élevées pour le format Medium que pour les autres formats, avec un taux de gestation de 89,3% contre 87,9% et 87,7% respectivement pour les formats Mini et Maxi. Au contraire, le taux de gestation des chiennes du format Giant est le plus faible (83,9%), et les chances de gestation sont plus faibles pour le format Giant que pour les autres formats. Seuls les formats Maxi et Mini ont des chances de gestation comparables. Les taux de gestation pour les chiennes de chaque format racial sont visibles sur la Figure 9.

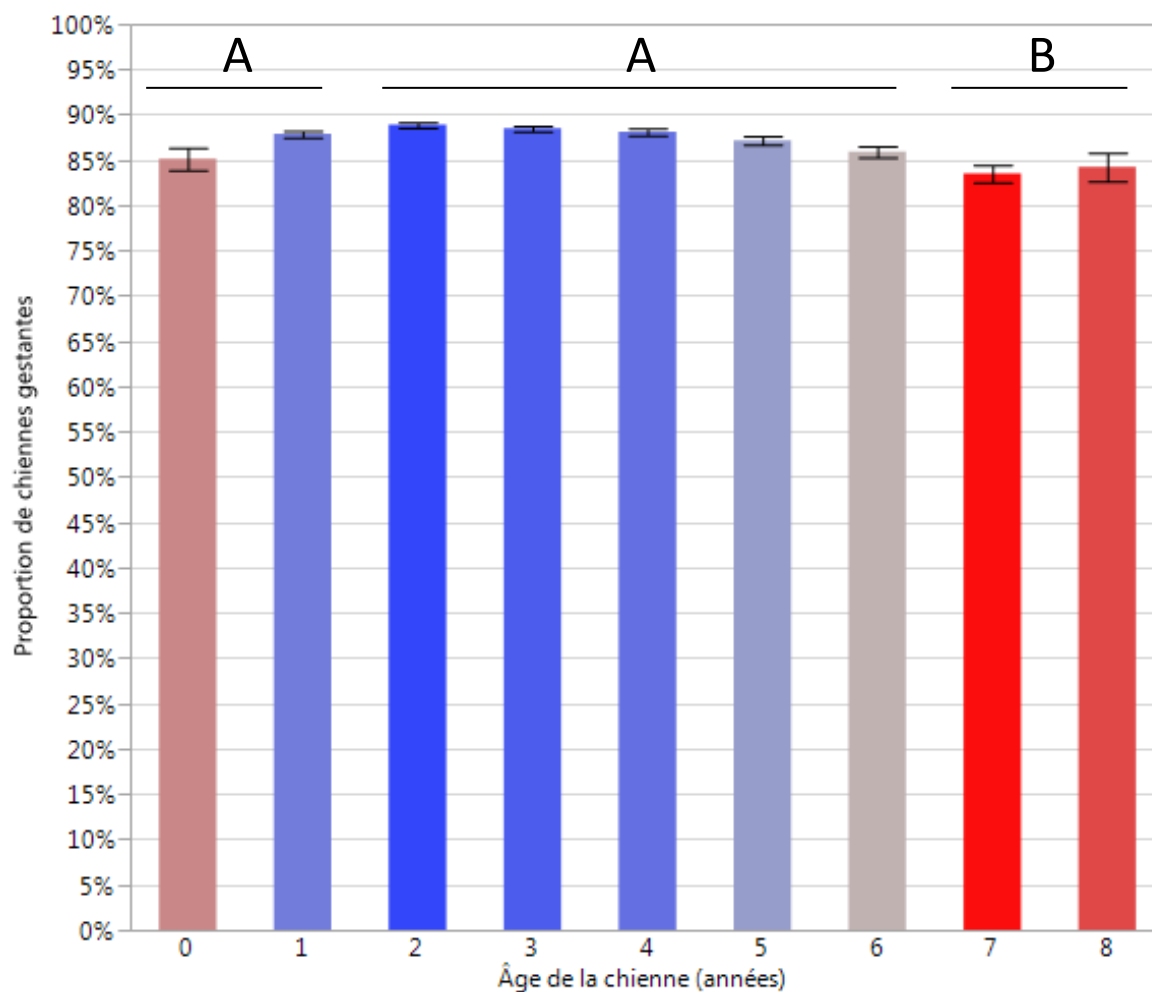
*Figure 9. Taux de gestation par format racial (n = 46 393)*



## **2. Influence de l'âge de la chienne**

Selon l'analyse multivariée, l'âge de la chienne influence très significativement la gestation ( $P < 0,0001$ ). Le taux de gestation chez les chiennes de moins d'1 an est de 85,2%. Ce taux atteint un maximum de 88,9% à 2 ans, puis il diminue progressivement jusqu'à un minimum de 83,5% à 7 ans. L'analyse univariée confirme une différence très significative entre les groupes Jeune, Adulte et Senior concernant le taux de gestation ( $P < 0,001$ ). Le taux de gestation des groupes Jeune et Adulte est comparable ( $P = 0,21$ ). En revanche, le taux de gestation est significativement plus élevé pour les chiennes des groupes Jeune et Adulte que pour celles du groupe Senior ( $P < 0,001$  dans les 2 cas), avec respectivement 87,6% et 88,1% contre 83,7%. Les taux de gestation en fonction de l'âge de la chienne sont visibles sur la Figure 10.

Figure 10. Taux de gestation selon l'âge de la chienne (n = 46 393)

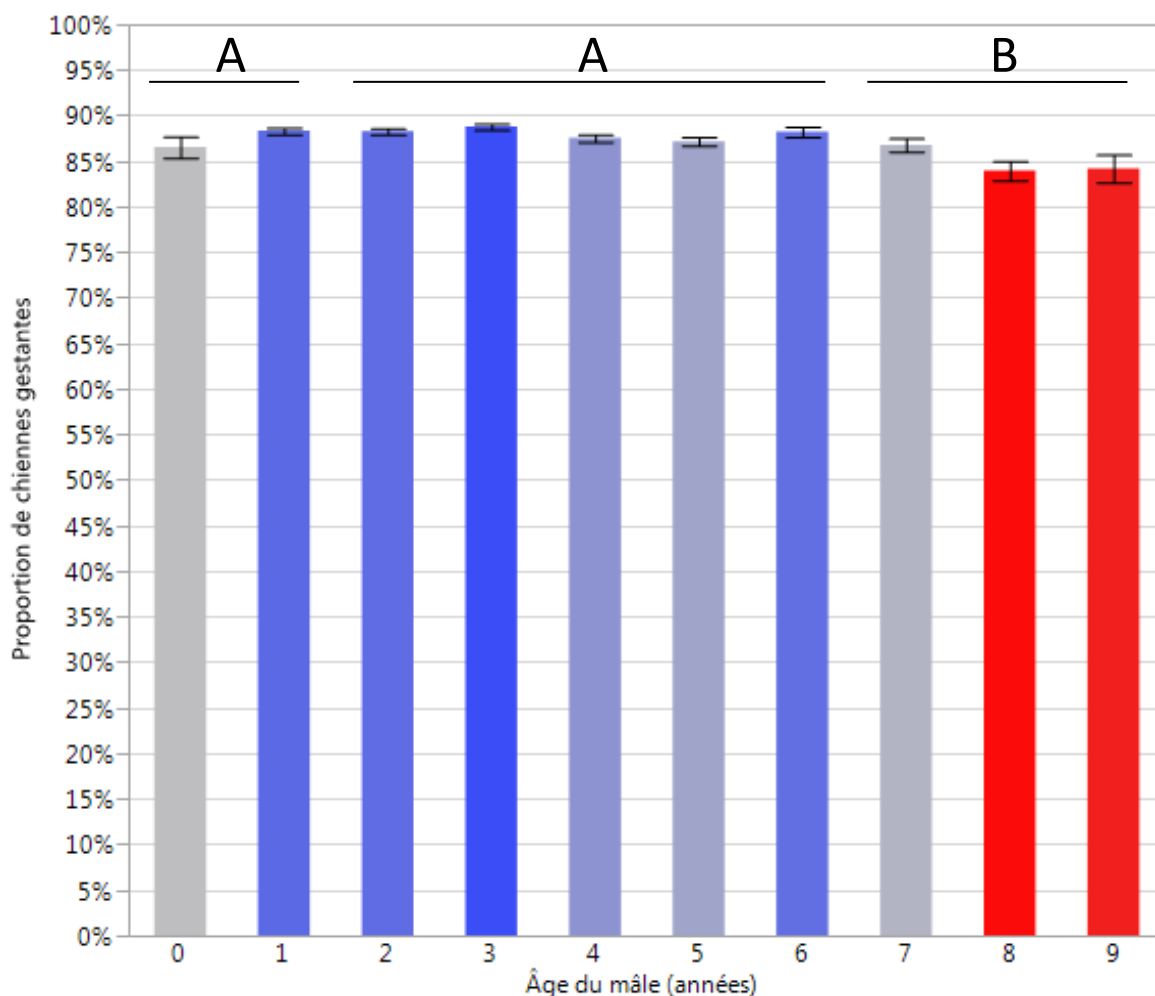


### 3. Influence du mâle

#### a. Influence de l'âge du mâle

Nous avons ensuite examiné le taux de gestation selon l'âge du mâle utilisé pour la saillie. Bien que moins significatif que celui de l'âge de la chienne, l'âge du mâle a un effet important sur la gestation ( $P = 0,0002$ ). A 86,5% pour les saillies effectuées par les mâles de moins d'1 an, le taux de gestation atteint un maximum pour les mâles de 3 ans à 88,8%, avant de redescendre jusqu'à 84,0% chez les mâles de 8 ans. L'âge du mâle a aussi un effet significatif entre les groupes Jeune, Adulte et Senior ( $P < 0,001$ ). La différence entre les groupes Jeune et Adulte n'est pas significative ( $P = 0,85$ ). Cependant, comme pour l'âge de la chienne, on observe des taux de gestation plus élevés lorsque le mâle appartient au groupe Jeune, avec 88,2% de gestation, ou Adulte, avec 88,1%, que lorsqu'il appartient à celui des Senior, qui obtient 85,5% de gestation ( $P < 0,001$  dans les 2 cas). Les taux de gestation en fonction de l'âge du mâle sont visibles sur la Figure 11.

Figure 11. Taux de gestation selon l'âge du mâle (n = 46 393)



#### b. Influence de la provenance du mâle

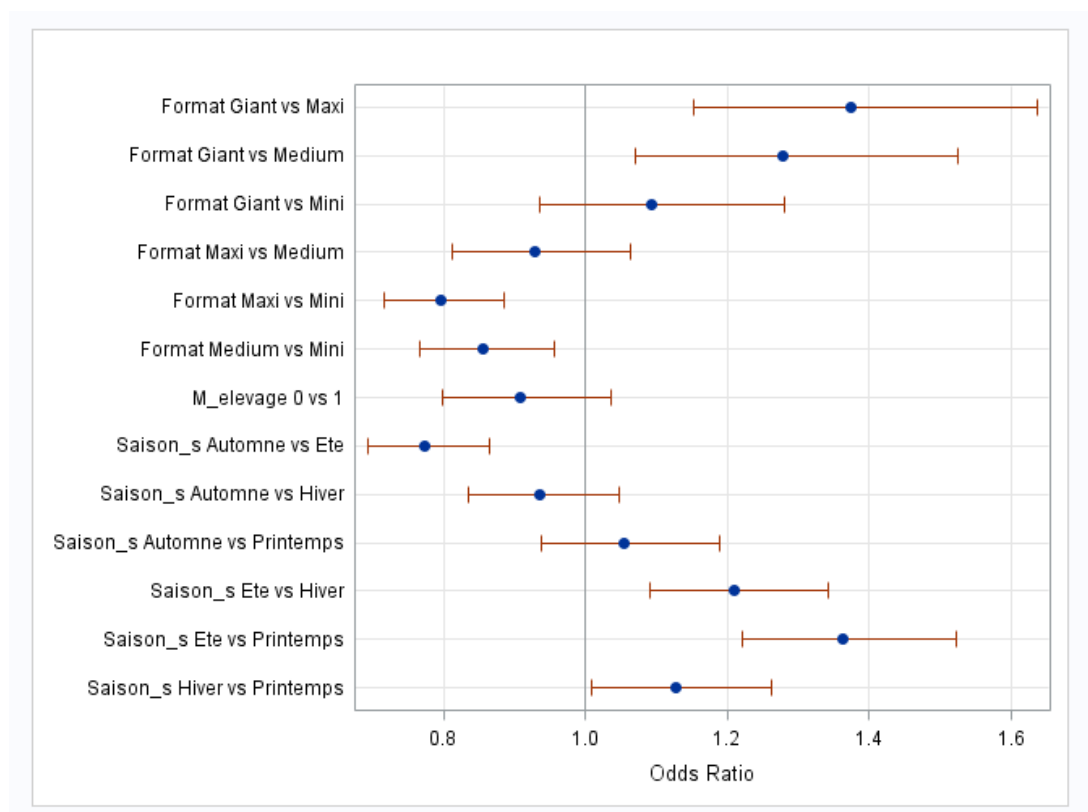
L'analyse statistique multivariée montre une influence significative de la provenance du mâle, c'est-à-dire que le taux de gestation varie selon le fait que le mâle provienne ou non du même élevage que la chienne ( $P = 0,003$ ). Les chances de gestation sont en effet plus élevées quand le mâle provient de l'extérieur (Figure 8). On observe un taux de gestation est légèrement supérieur lorsque le mâle provient d'un élevage extérieur, avec 89,0% pour les mâles provenant de l'extérieur contre 87,7% pour ceux appartenant au même élevage que la chienne.

## **B. Avortement**

On observe un taux d'avortement de 6,0% sur l'ensemble des 46 393 chaleurs, et de 6,8% sur l'ensemble des 40 748 gestations. Les facteurs testés sont le format racial, l'âge de la chienne, l'âge du mâle, la provenance du mâle et la saison de saillie. Le modèle choisi pour l'analyse multivariée est une régression logistique [Proc logistic]. Les paramètres ayant une influence significative sont le format racial, l'âge de la chienne et la saison de saillie. Les OR sont donnés dans la Figure 12.



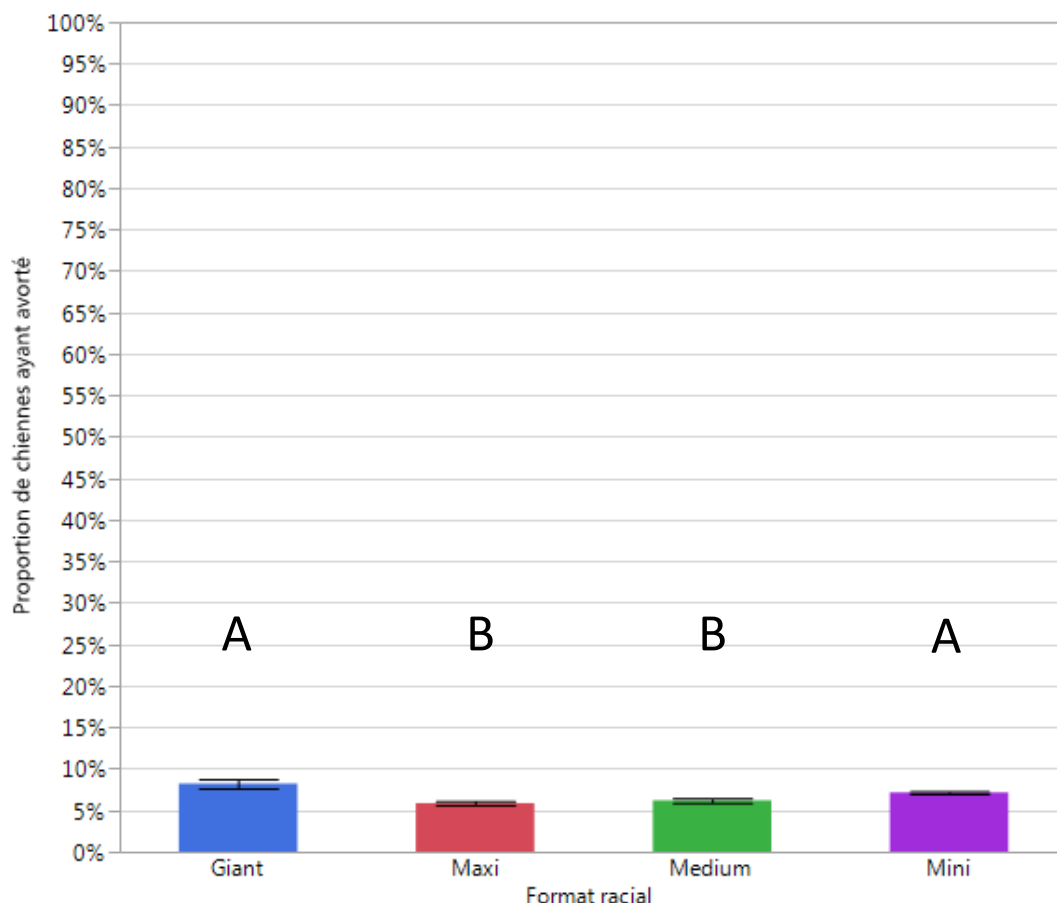
*Figure 12. Rapports de cotes pour l'avortement (intervalle de confiance de Wald à 95%)*



### **1. Influence du format racial**

L'influence du format racial sur l'avortement est très significative ( $P < 0,0001$ ). Les risques d'avortement sont plus élevés pour les formats Giant et Mini, qui obtiennent des taux d'avortement respectifs de 8,2% et 7,1%, que pour les formats Maxi et Medium (respectivement 5,9% et 6,2%). Les autres différences ne sont pas significatives (Figure 12). Les taux d'avortement pour les chiennes de chaque format racial sont visibles sur la Figure 13.

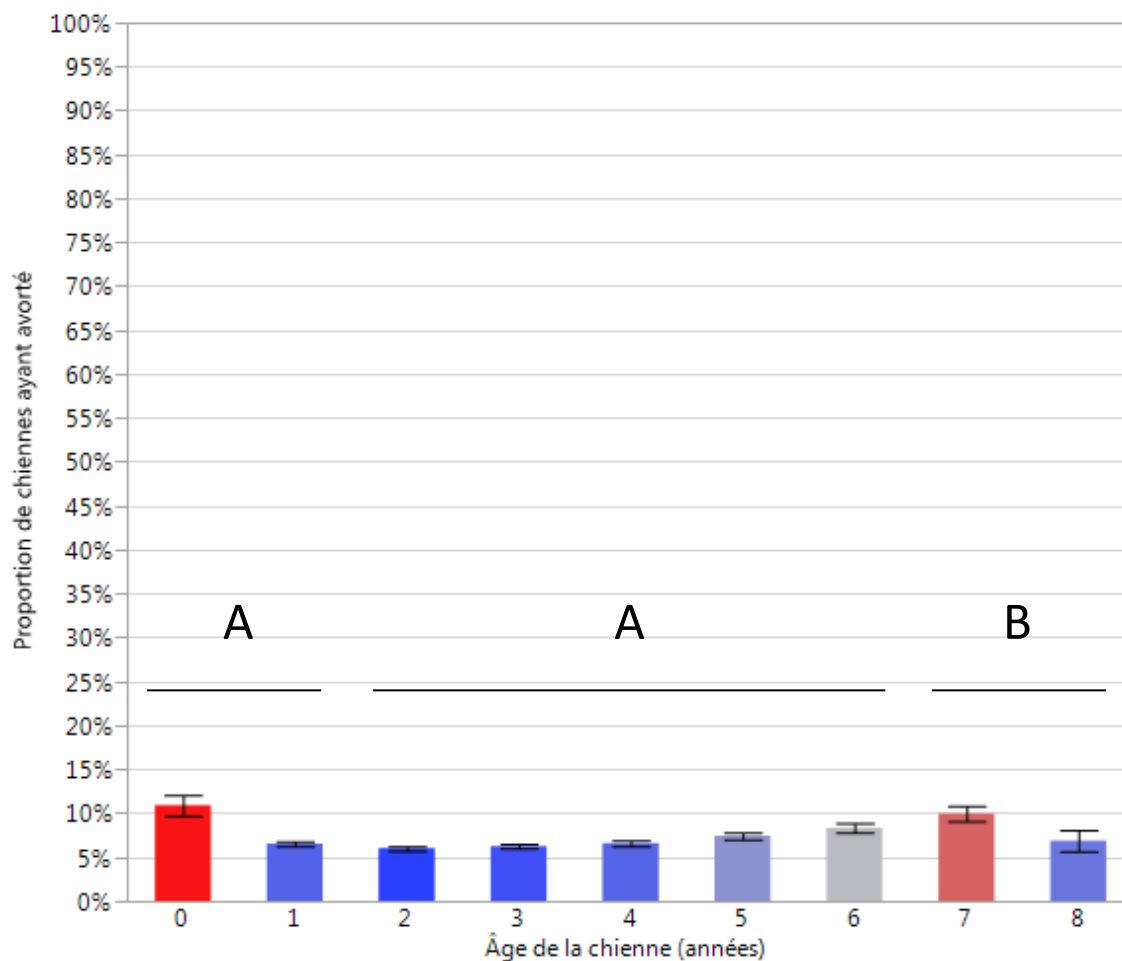
*Figure 13. Taux d'avortement selon le format racial (n = 40 748)*



## **2. Influence de l'âge de la chienne**

Nous avons ensuite examiné l'influence de l'âge de la chienne sur l'avortement. Celle-ci est fortement significative ( $P = 0,0001$ ). Le taux d'avortement le plus élevé (10,9%) a été obtenu pour les chiennes de moins d'1 an. Il a ensuite diminué jusqu'au minimum de 6,0% chez les femelles de 2 ans, avant de remonter progressivement jusqu'à 7 ans (10,0%). L'analyse univariée confirme un effet significatif de l'âge de la chienne sur l'avortement ( $P < 0,001$ ). Comme pour la gestation, la différence entre les groupes Jeune et Adulte n'est pas significative ( $P = 0,28$ ), contrairement au groupe Adulte et Senior ( $P < 0,001$ ), avec 6,6% contre 9,2% et, dans une moindre mesure, au groupe Jeune et Senior ( $P = 0,02$ ), avec 7,0% contre 9,2%. Les taux d'avortement en fonction de l'âge de la chienne sont visibles sur la Figure 14.

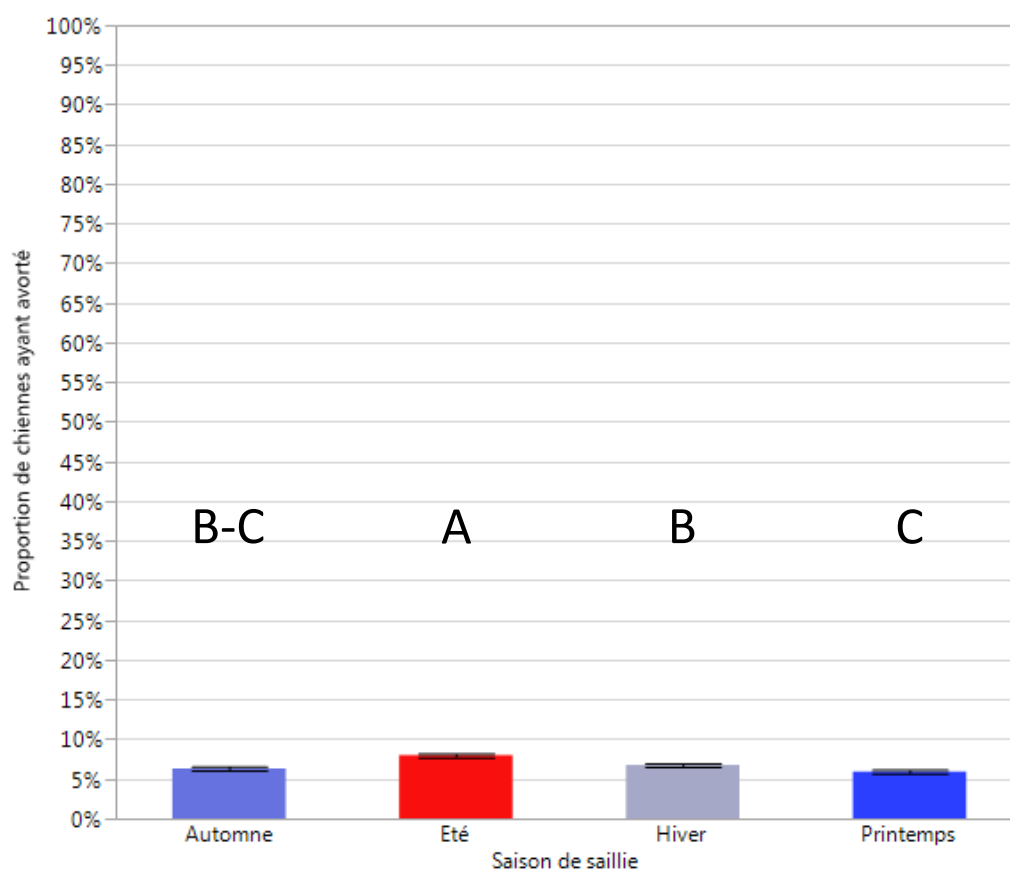
Figure 14. Taux d'avortement selon l'âge de la femelle (n = 40 748)



### 3. Influence de la saison de saillie

L'influence de la saison de saillie sur l'avortement est très significative ( $P < 0,0001$ ). Le risque d'avortement est plus élevé en été qu'aux autres saisons, et plus élevé en hiver qu'au printemps (Figure 12). On observe effectivement le taux d'avortement le plus élevé pour les saillies estivales, avec 8,0% d'avortement. Le taux d'avortement pour les saillies hivernales est de 6,8%, supérieur à celui des saillies printanières (5,9%). Les taux d'avortement en fonction de la saison de saillie sont visibles sur la Figure 15.

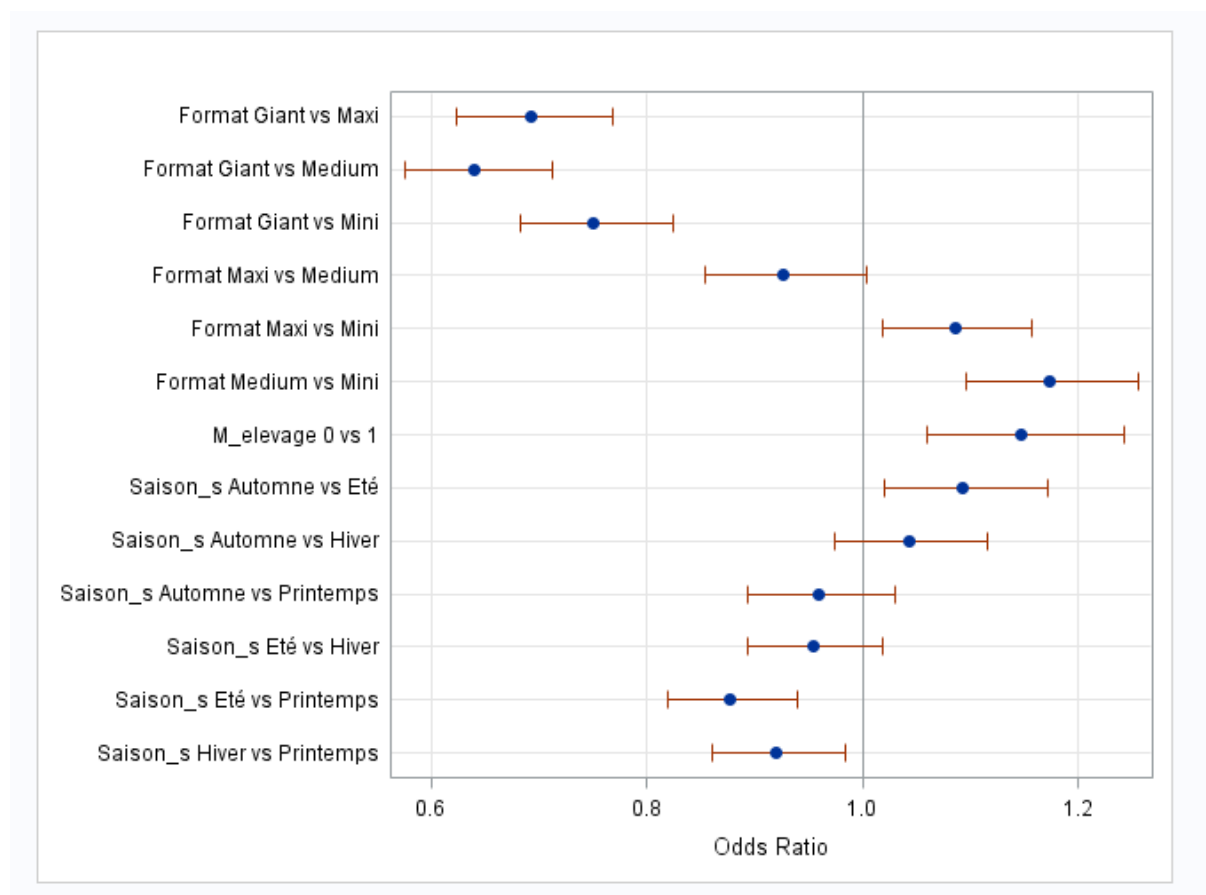
*Figure 15. Taux d'avortement selon la saison de saillie (n = 40 748)*



### **C. Mise-bas**

Le taux de mise-bas est de 81,9% sur les 46 393 chaleurs, et de 93,2% sur les 40 748 gestations. Nous avons testé l'influence du format racial, de l'âge de la chienne, de celui du mâle, de la provenance du mâle ainsi que la saison de saillie sur la mise-bas. Le modèle choisi pour l'analyse statistique multivariée est une régression logistique ([Proc logistic]). Les variables ayant une influence significative sont le format racial, l'âge de la chienne, celui du mâle, la provenance du mâle et la saison de saillie. Les OR sont donnés dans la Figure 16.

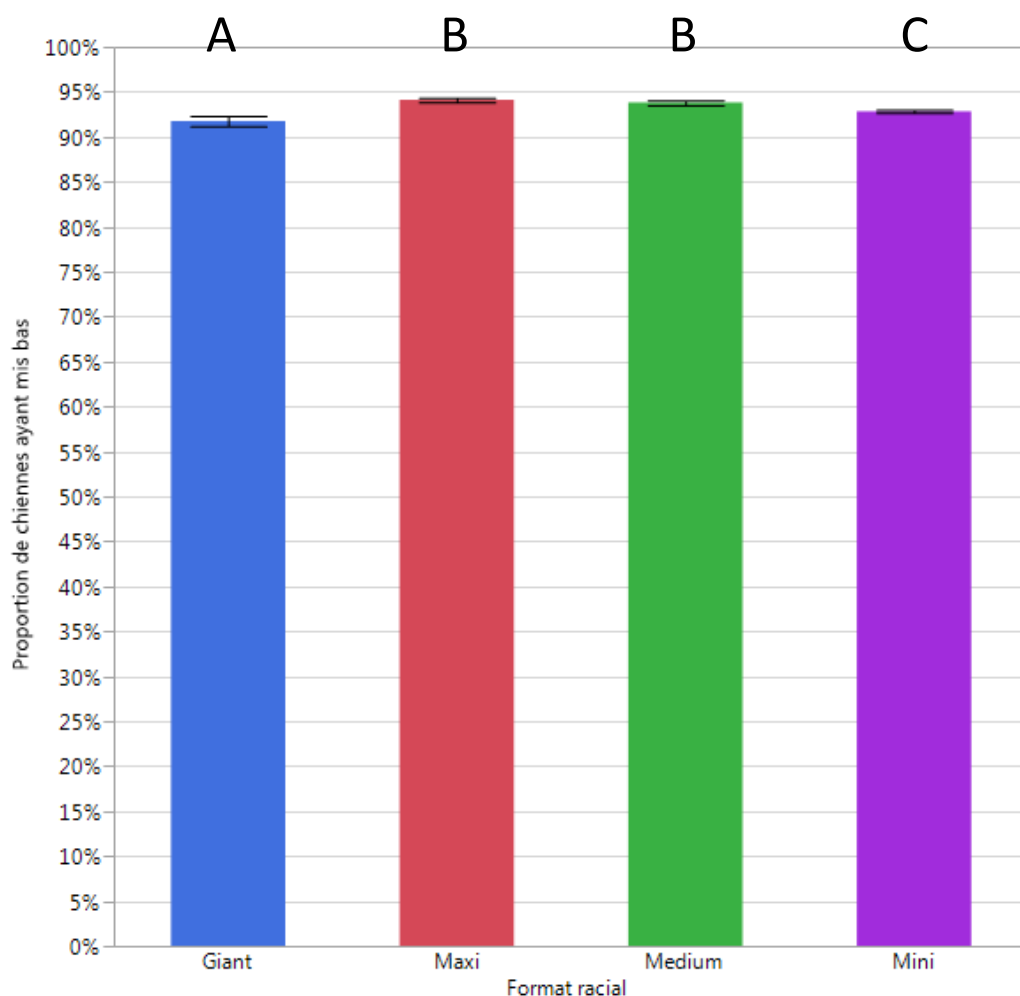
*Figure 16. Rapports de cotes pour la mise-bas (intervalle de confiance de Wald à 95%)*



### **1. Influence du format racial**

L'analyse multivariée montre une influence très significative du format racial sur la mise-bas ( $P < 0,0001$ ). Les chances de mise-bas sont plus faibles pour les chiennes du format Giant que pour les autres (Figure 16), avec un taux de mise-bas de 91,8%. Au contraire, les chiennes des formats Maxi et Medium ont les chances de mise-bas les plus élevées (Figure 16), avec des taux de mise-bas respectifs de 94,1% et 93,8%. Les taux de mise-bas pour les chiennes de chaque format racial sont visibles sur la Figure 17.

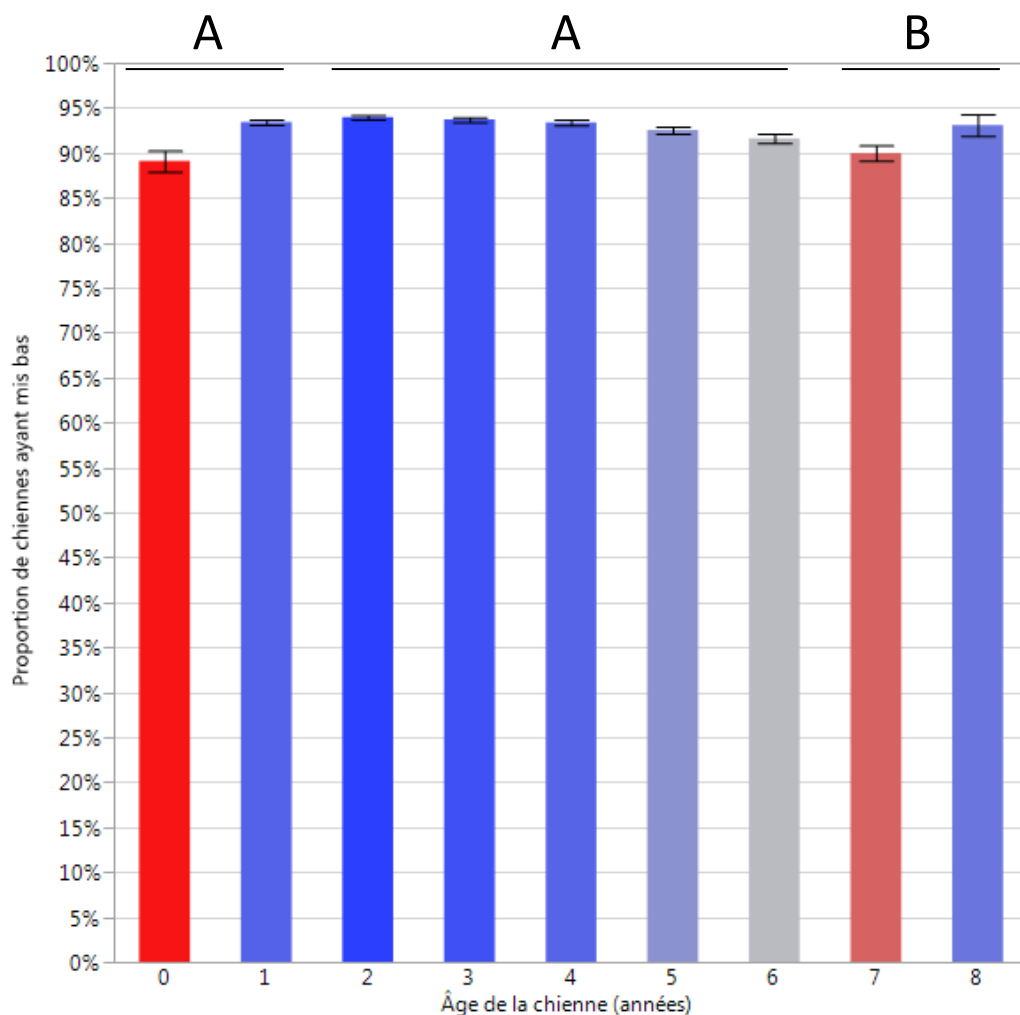
*Figure 17. Taux de mise-bas selon le format racial (n = 40 748)*



## **2. Influence de l'âge de la chienne**

Nous avons ensuite examiné l'effet de l'âge de la chienne sur la mise-bas. Celui-ci est très fortement significatif ( $P < 0,0001$ ). Les chiennes de 2 ans sont celles qui ont le taux de mise-bas le plus élevé, avec 94,0%. Au contraire, le minimum, de 89,1%, revient aux chiennes de moins d'1 an. L'analyse univariée confirme une influence significative de l'âge de la chienne sur la mise-bas entre les groupes Jeune, Adulte et Senior ( $P < 0,001$ ). Là encore, entre les groupes Jeune et Adulte, la différence n'est pas significative ( $P = 0,28$ ). Au contraire, le taux de mise-bas est nettement plus important pour le groupe Adulte (93,4%) que pour le groupe Senior (90,8%) ( $P < 0,001$ ). Dans une moindre mesure, la différence entre les groupes Jeune et Senior est aussi très significative, avec 93,0% contre 90,8% ( $P = 0,002$ ). Les taux de mise-bas en fonction de l'âge de la mère sont visibles sur la Figure 18.

Figure 18. Taux de mise-bas selon l'âge de la mère (n = 40 748)

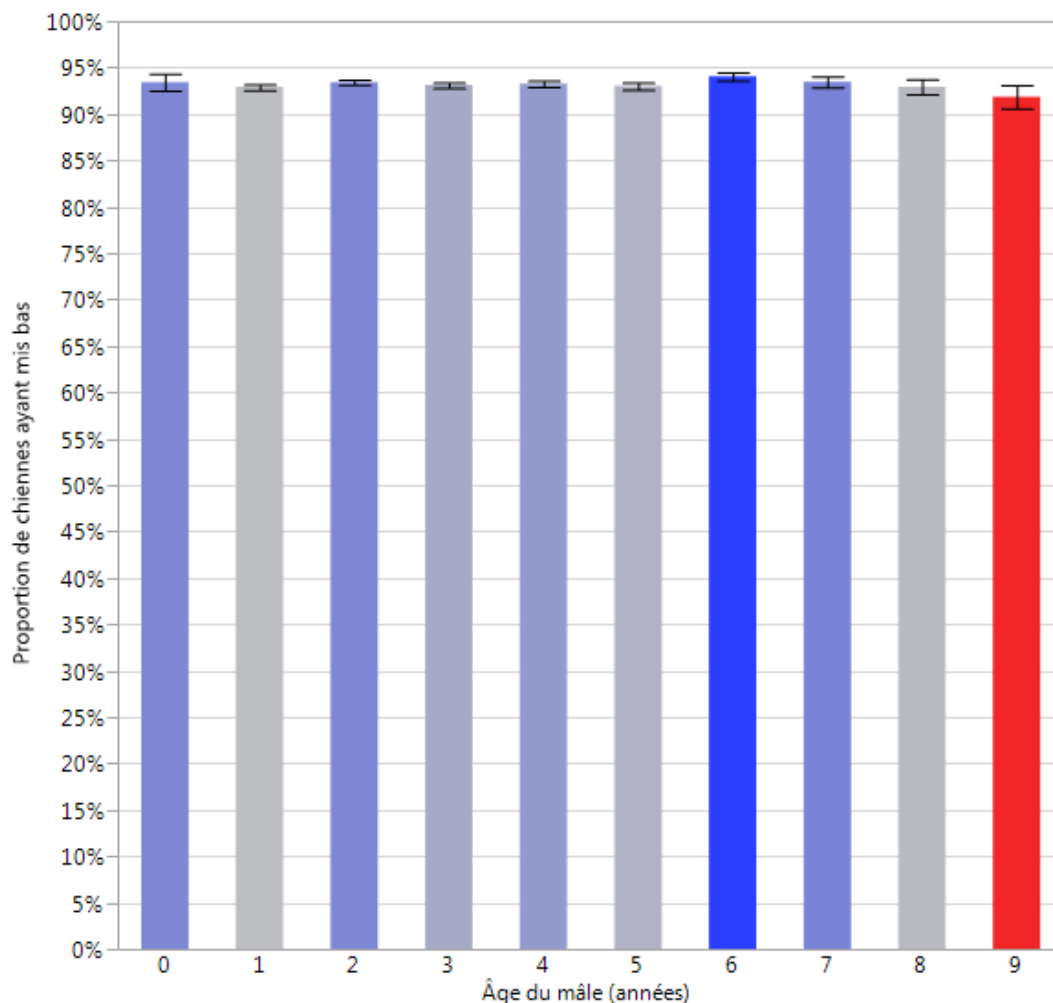


### 3. Influence du mâle

#### a. Influence de l'âge du mâle

Concernant l'âge du mâle, l'analyse multivariée montre un effet significatif sur la mise-bas ( $P = 0,0108$ ). Le taux de mise-bas minimum, de 91,9%, est obtenu pour les mises-bas ayant fait intervenir des mâles de 9 ans. Un maximum de 94,1% est obtenu pour les mises-bas correspondant aux mâles de 6 ans. Cependant, l'analyse univariée ne confirme pas cette significativité de l'effet de l'âge du mâle sur la mise-bas ( $P = 0,49$ ), du moins pas entre les groupes Jeune, Adulte et Senior. Les taux de mise-bas en fonction de l'âge du père sont visibles sur la Figure 19.

*Figure 19. Taux de mise-bas selon l'âge du mâle (n = 40 748)*



#### **b. Influence de la provenance du mâle**

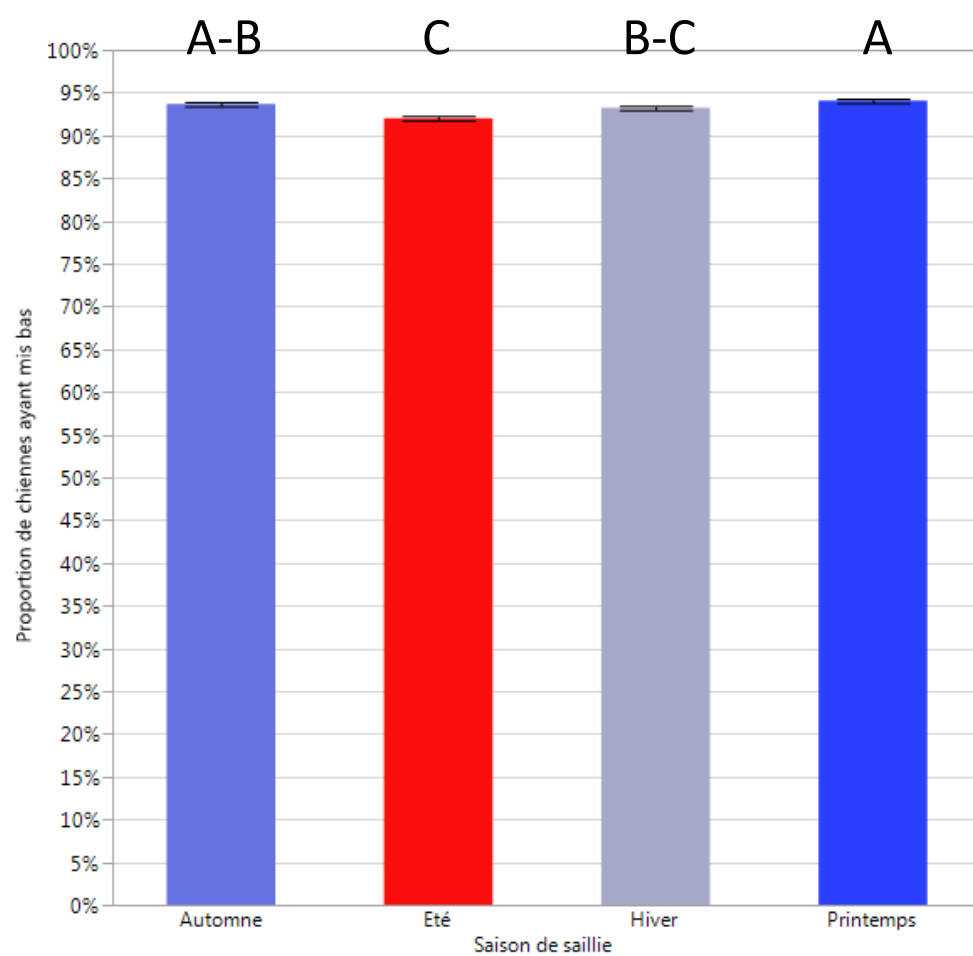
L'analyse multivariée met en évidence une influence significative de la provenance du mâle sur la mise-bas ( $P = 0,0007$ ). Les chances de mise-bas sont plus grandes pour les saillies faisant intervenir un mâle provenant d'un élevage différent de celui de la chienne (Figure 16). On observe 94,1% de mise-bas quand le mâle vient de l'extérieur contre 93,1% quand le mâle provient du même élevage que la chienne.

#### **4. Influence de la saison de saillie**

A l'aide d'un modèle multivarié, on observe une influence significative de la saison de saillie sur la mise-bas ( $P = 0,0013$ ). En particulier, on observe une différence significative entre les saillies printanières, qui obtiennent un maximum de 94,1% de mise-bas, et les saillies estivales, qui obtiennent un minimum de 92,0% de mise-bas (Figure 16). Les taux de mise-bas en fonction de la saison de saillie sont visibles sur la Figure 20.



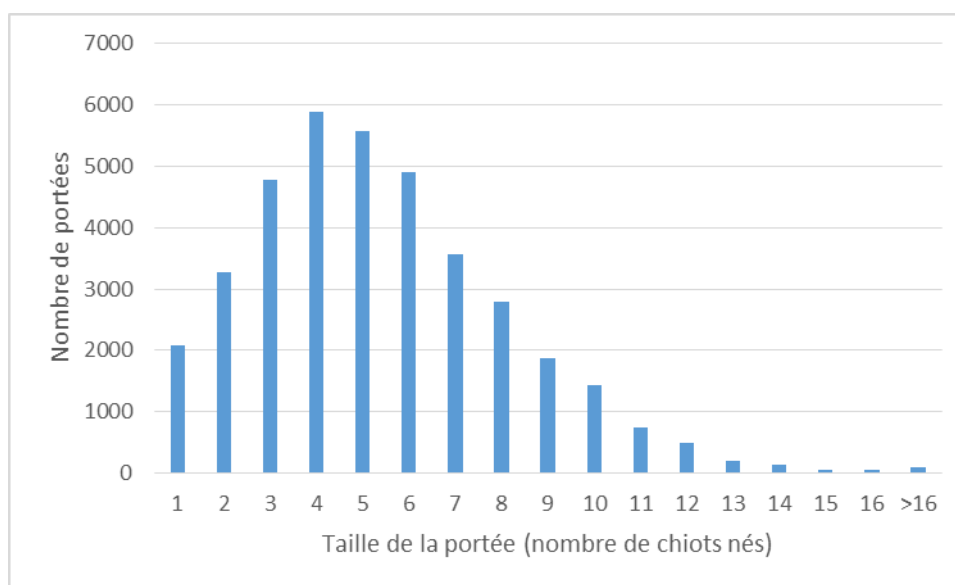
*Figure 20. Taux de mise-bas selon la saison de saillie (n = 40 748)*



### III. PROLIFICITE

Les calculs de prolificité, c'est-à-dire le nombre moyen de chiots par portée, portent sur un total de 37 985 mise-bas ayant donné naissance à 204 537 chiots au total, dont 189 637 nés vivants (soit 92,7%). La moyenne est de  $5,4 \pm 2,8$  (écart-type) chiots par portée. La taille de portée la plus fréquente est de 4 chiots. Le premier quartile est à 3 chiots, la médiane à 5 chiots et le troisième quartile à 7 chiots. La distribution de la taille de portée est visible sur la Figure 21. Dans cette partie, la distribution de la taille de portée est représentée en fonction de différents paramètres à l'aide de boîtes à moustaches. Il s'agit de rectangles allant du premier quartile au troisième quartile et coupés par la médiane, les extrémités allant jusqu'au premier et neuvième déciles. Les points supplémentaires représentent les valeurs non prises en compte par la boîte à moustache elle-même.

*Figure 21. Distribution de la taille de portée (n = 37 985)*



Pour notre étude de la prolificité, nous avons testé les facteurs suivants : le format racial, l'âge de la mère, celui du père, la provenance du père et la saison de saillie. Nous avons choisi le modèle mixte généralisé [GLIMMIX proc] avec interactions. Les interactions Format racial/Provenance du père, Format racial/Saison de saillie, Format racial/Provenance du père/Saison de saillie et Provenance du père/Saison de saillie ont ainsi également été testées. Les paramètres ayant une influence significative sont le format racial, l'âge de la mère, celui du père et la provenance du père. De plus, il y a une interaction entre le format racial et la provenance du père.

#### **1. Influence du format racial**

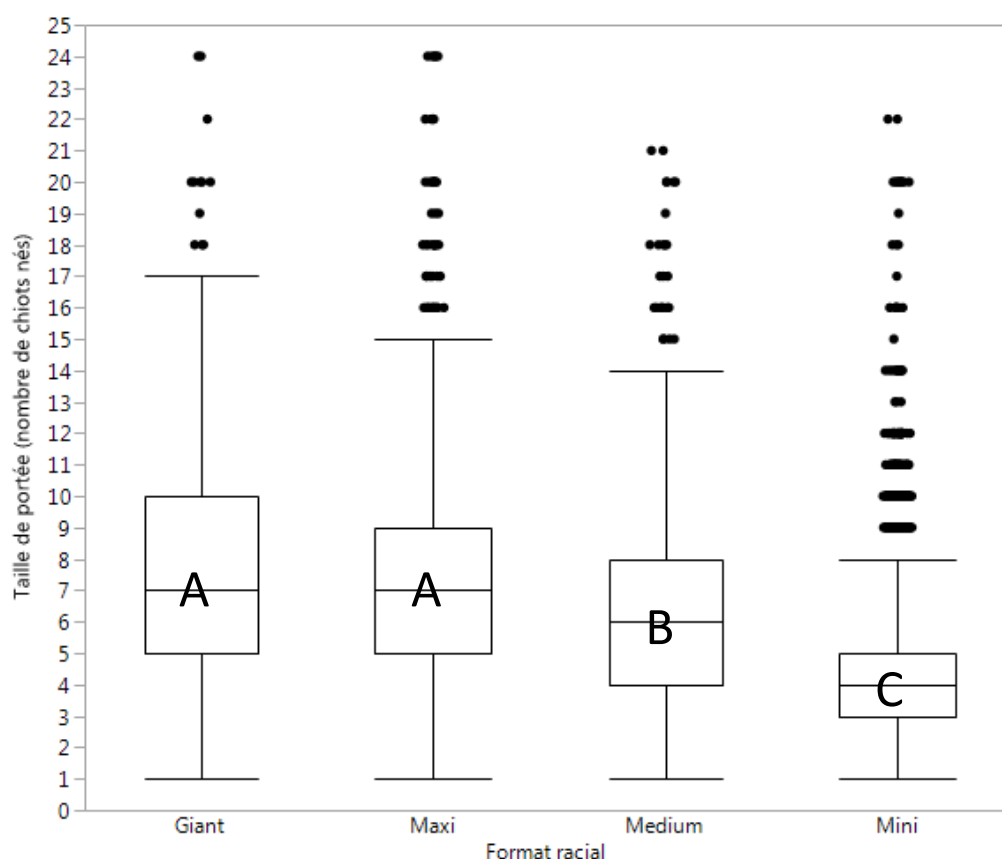
Nous avons étudié l'influence du format racial sur la taille de portée, et, selon notre modèle multivarié, celle-ci serait très fortement significative ( $P < 0,0001$ ). Les OR sont donnés dans le Tableau 9. Les chiennes des formats Giant et Maxi ont les portées de plus grand taille, avec une moyenne respective de  $7,4 \pm 3,6$  chiots et de  $7,2 \pm 3,1$  chiots. Quant aux chiennes du format Mini, elles produisent les plus petites portées, avec  $4,3 \pm 2,0$  chiots. La

Figure 22 montre la distribution de la taille de portée pour chaque format racial. On remarque que la médiane suit la même évolution que la taille de portée moyenne. La différence entre la taille de portée des chiennes du format Mini est également visible sur cette figure. En effet, les portées de ce format ne comptent que rarement plus de 7 à 8 chiots, contrairement à celles des autres formats.

*Tableau 9. Odds Ratio pour la taille de portée en fonction du format racial*

		OR	Intervalle de confiance à 95%	
Giant	Maxi	0,934	0,825	1,058
Giant	Medium	0,483	0,425	0,548
Giant	Mini	0,113	0,100	0,128
Maxi	Medium	0,517	0,476	0,561
Maxi	Mini	0,121	0,113	0,131
Medium	Mini	0,235	0,218	0,253

*Figure 22. Taille de portée selon le format racial (n = 37 985)*

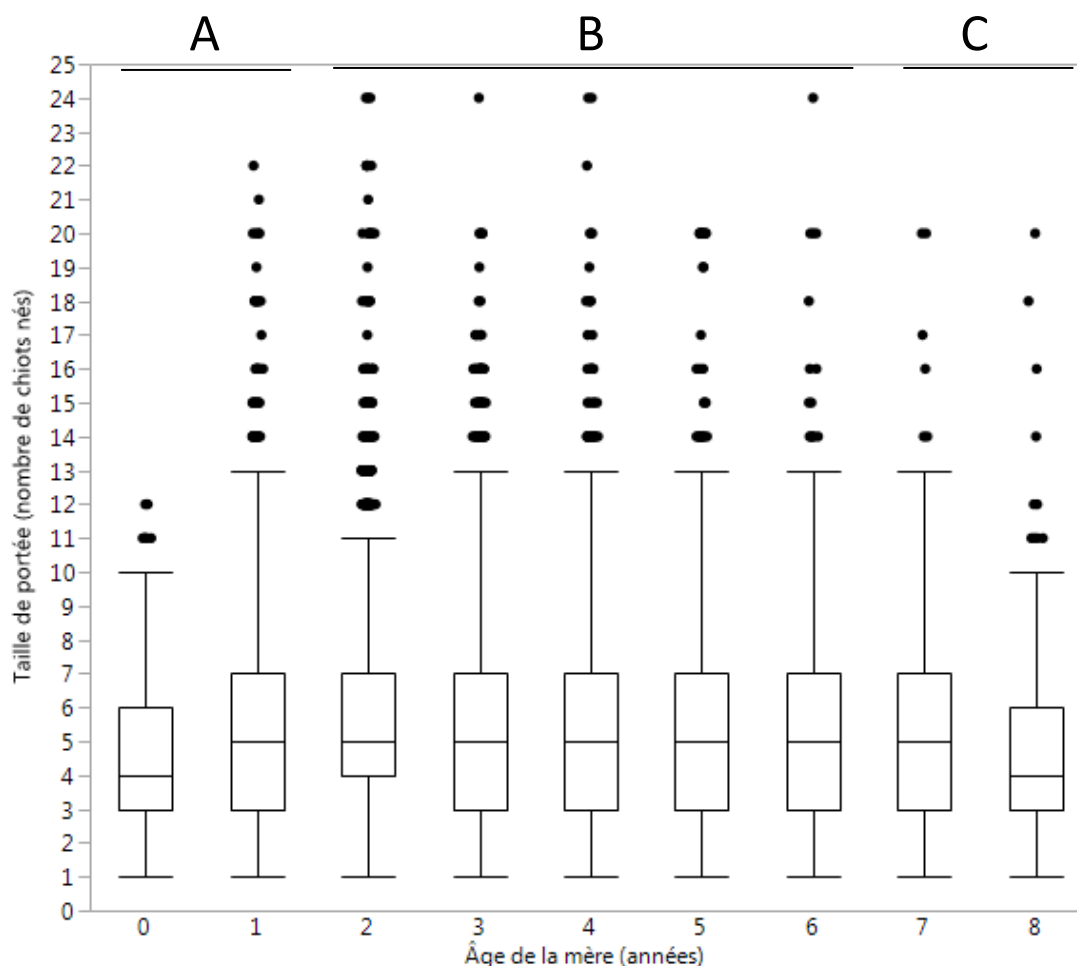


## **2. Influence de l'âge de la femelle**

Notre modèle multivarié met en évidence une très forte influence de l'âge de la mère sur la taille de la portée ( $P < 0,0001$ ), confirmée par notre analyse univariée entre les groupes Jeune, Adulte et Senior ( $P < 0,001$ ). Les chiennes du groupe Adulte ont la meilleure prolificité, avec 5,5 chiots en moyenne contre 5,2 chiots pour celles du groupe Jeune et 4,9

chiots pour celles du groupe Senior ( $P < 0,001$  dans les deux cas). Dans une moindre mesure, la différence entre les groupes Jeune et Senior est aussi significative ( $P = 0,01$ ). Les boîtes à moustaches de la taille de portée selon l'âge de mère (Figure 23) montrent une portée médiane de 4 chiots pour les chiennes de moins d'1 an et de 8 ans, 5 chiots sinon. Les chiennes de moins d'1 an mettent bas d'en moyenne  $4,6 \pm 2,2$  chiots par portée. La prolificité atteint un maximum chez les femelles de 2 ans, avec  $5,6 \pm 2,9$  chiots, avant de diminuer progressivement jusqu'à  $4,8 \pm 2,8$  chiots par portée pour les chiennes de 8 ans.

*Figure 23. Taille de portée selon l'âge de la mère (n = 37 985)*

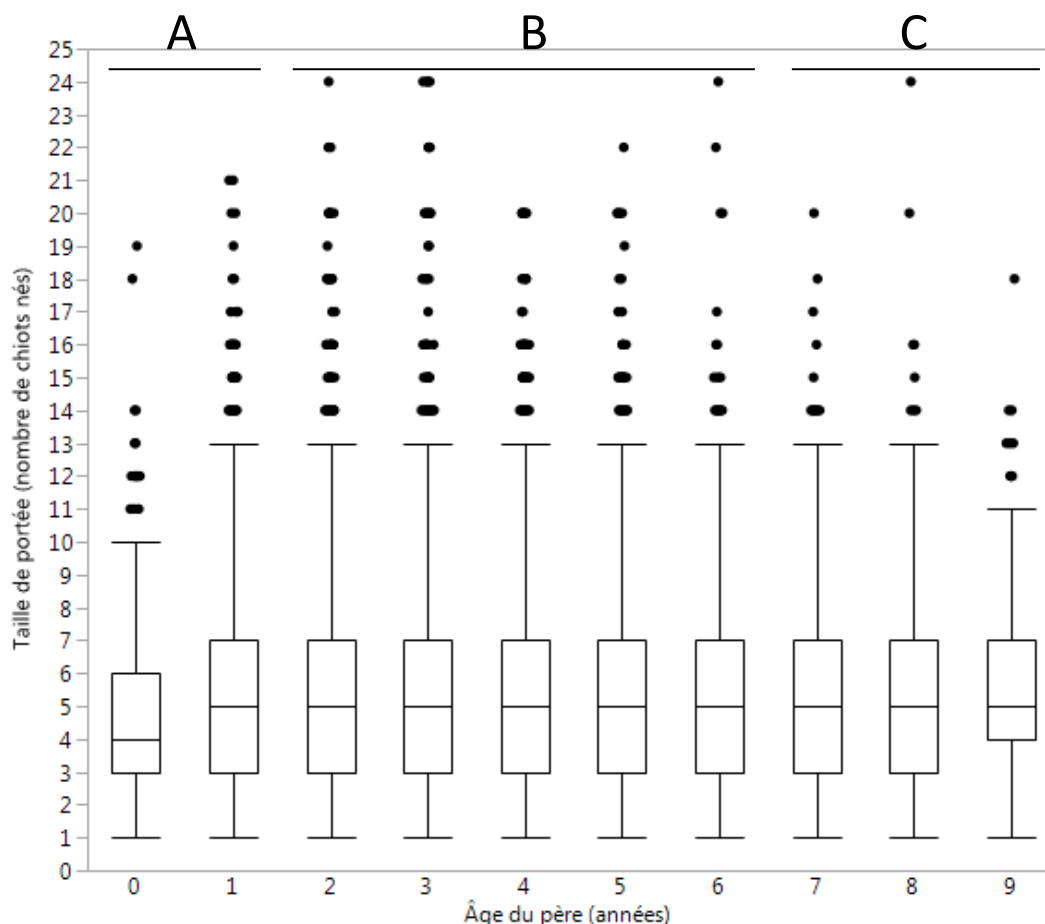


### **3. Influence du père**

#### **a. Influence de l'âge du père**

En étudiant l'effet de l'âge du père sur la taille de la portée, nous avons détecté une influence significative en utilisant le modèle multivarié ( $P = 0,0315$ ) ainsi qu'un effet fortement significatif avec le modèle univarié ( $P < 0,001$ ). Les pères du groupe Jeune produisent les plus petites portées, avec 5,2 chiots en moyenne contre 5,4 chiots pour les pères du groupe Adulte et 5,5 chiots pour ceux du groupe Senior ( $P < 0,001$  dans les deux cas). La différence entre les groupes Adulte et Senior est aussi significative ( $P = 0,03$ ). La médiane de la taille de portée reste à 5 chiots sauf pour les pères de moins d'1 an, où elle est à 4 chiots. La taille de portée moyenne minimum est de  $4,8 \pm 2,5$  chiots pour les pères de moins d'1 an. Elle atteint ensuite un maximum à  $5,6 \pm 2,9$  chiots chez les mâles de 8 ans.

Figure 24. Taille de portée selon l'âge du mâle ( $n = 37\,985$ )



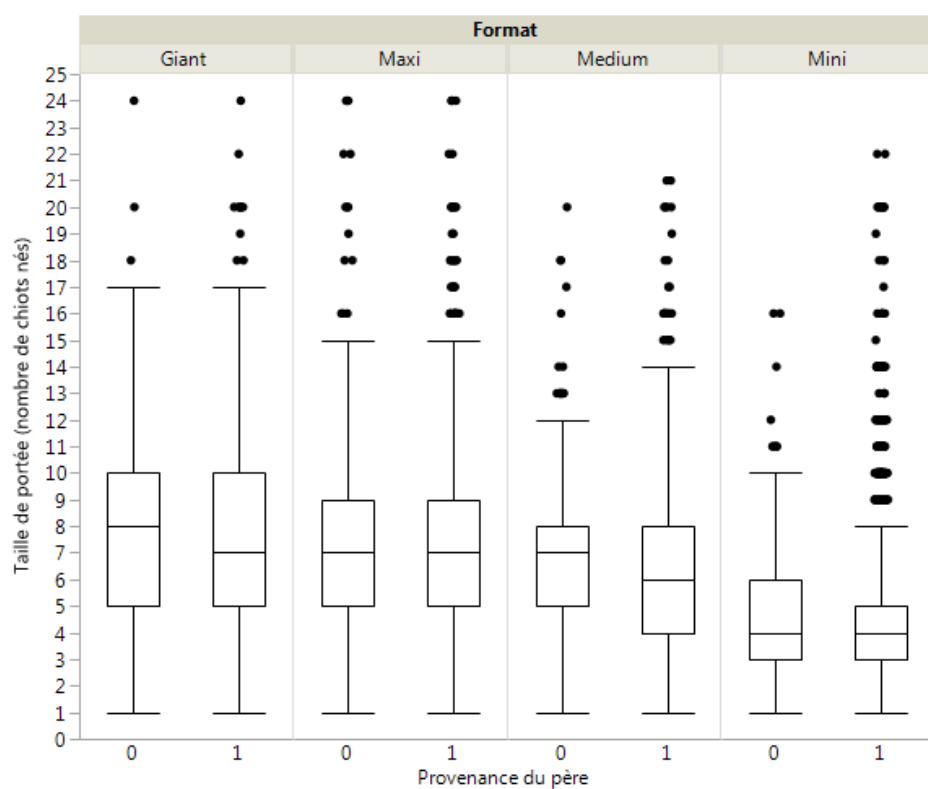
#### b. Influence de la provenance du mâle

Notre analyse multivariée montre une très forte influence de la provenance du père sur la taille de portée ( $P < 0,0001$ ). La portée aurait plus de chances d'être grande si le père provient d'un autre élevage que celui de la mère ( $OR = 0,820 [0,763 - 0,881]$ ). On observe en effet une taille de portée moyenne de  $6,1 \pm 3,0$  chiots lorsque le père vient de l'extérieur, contre  $5,3 \pm 2,8$  chiots dans le cas contraire.

##### • Provenance du père selon le format racial

Notre modèle multivarié fait ressortir une interaction entre le format racial et la provenance du père (même élevage que la mère ou non) ( $P = 0,0088$ ). En effet, on obtient la même taille de portée médiane quelle que soit la provenance du père au sein des formats Maxi et Mini, tandis que cette médiane compte un chiot de plus lorsque le père provient de l'extérieur pour les formats Giant et Medium (Figure 25).

*Figure 25. Taille de portée selon la provenance du mâle en fonction du format racial (n = 37 985)*

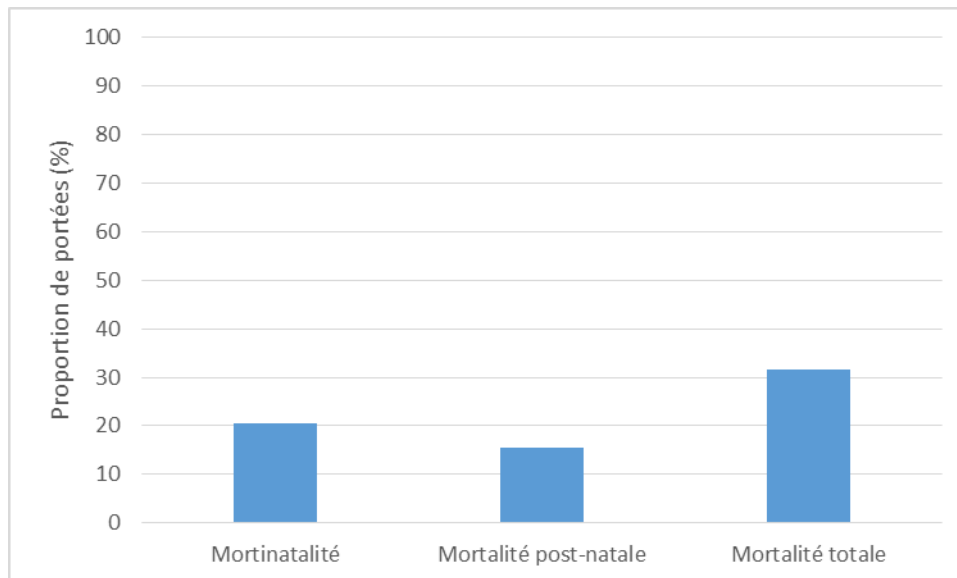


## **IV. MORTALITE**

La mortalité au sens propre est définie comme un rapport entre un nombre de chiots morts et un nombre de chiots nés. Dans cette étude, nous avons distingué la mortinatalité, qui concerne les chiots morts peu de temps avant la naissance ou au cours de la naissance, la mortalité post-natale, qui comprend les chiots nés vivants mais décédés avant d'être vendus ou donnés par l'éleveur, et la mortalité totale, qui regroupe à la fois la mortinatalité et la mortalité post-natale. La mortalité totale des chiots dans la population que nous avons étudiée (204 537 chiots) était de 13,4%. 54,8% des chiots morts étaient des mort-nés et 45,2% étaient morts après la naissance.

La structure du fichier dont nous disposions, organisé en saillies ou épisodes de chaleurs, ne nous permettait pas d'étudier la mortalité en elle-même de manière optimale. Nous avons donc décrit et analysé les proportions de portées touchées par la mortalité des chiots. Cette méthode a déjà été utilisée pour des publications scientifiques sur les performances d'élevage [183]. La Figure 26 montre les proportions de portées comportant de la mortinatalité, de la mortalité post-natale ou l'une des deux.

*Figure 26. Proportion de portées comportant au moins un chiot mort (n = 37 985)*



### **A. Mortinatalité**

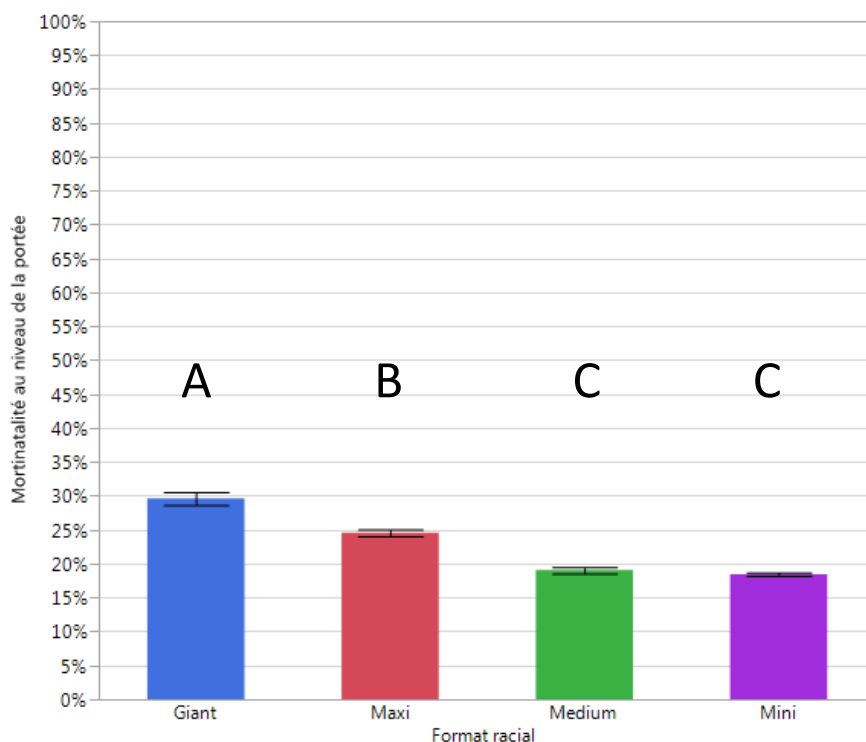
Sur 37 985 portées, soit 204 537 chiots nés, 15 033 étaient mort-nés. La mortinatalité était donc de 7,4%. La proportion de portées comportant au moins un chiot mort-né était de 20,5%. Le modèle que nous avons choisi est une régression logistique. Les facteurs testés étaient le format racial, l'âge de la mère, celui du père, la provenance du père, la saison de mise-bas, la taille de portée et le sex ratio par portée. Les facteurs ayant une influence significative sont le format racial, l'âge du père, la taille de la portée et le sex ratio par portée.

#### **1. Influence du format racial**

Le modèle multivarié montre un effet très fortement significatif du format racial sur la mortinatalité au sein d'une portée ( $P < 0,001$ ). Avec un maximum de 29,6% de portées

comportant au moins un chiot mort-né, le format Giant est le le plus touché ( $P < 0,001$  dans tous les cas). Les formats Medium et Mini sont ceux qui obtiennent les proportions de portées touchées les plus basses ( $P < 0,001$  pour la comparaison avec les formats Giant et Maxi), avec respectivement 19,1% et 18,5%, qui sont des taux similaires ( $P = 0,2822$ ). 24,6% des portées du format Maxi comprennent au moins un chiot mort-né, ce qui est significativement différent des autres formats ( $P < 0,001$  dans tous les cas). Les taux de portées comportant au moins un chiot mort-né en fonction du format racial sont visibles sur la Figure 27.

*Figure 27. Mortinatalité par portée selon le format racial (n = 37 985)*

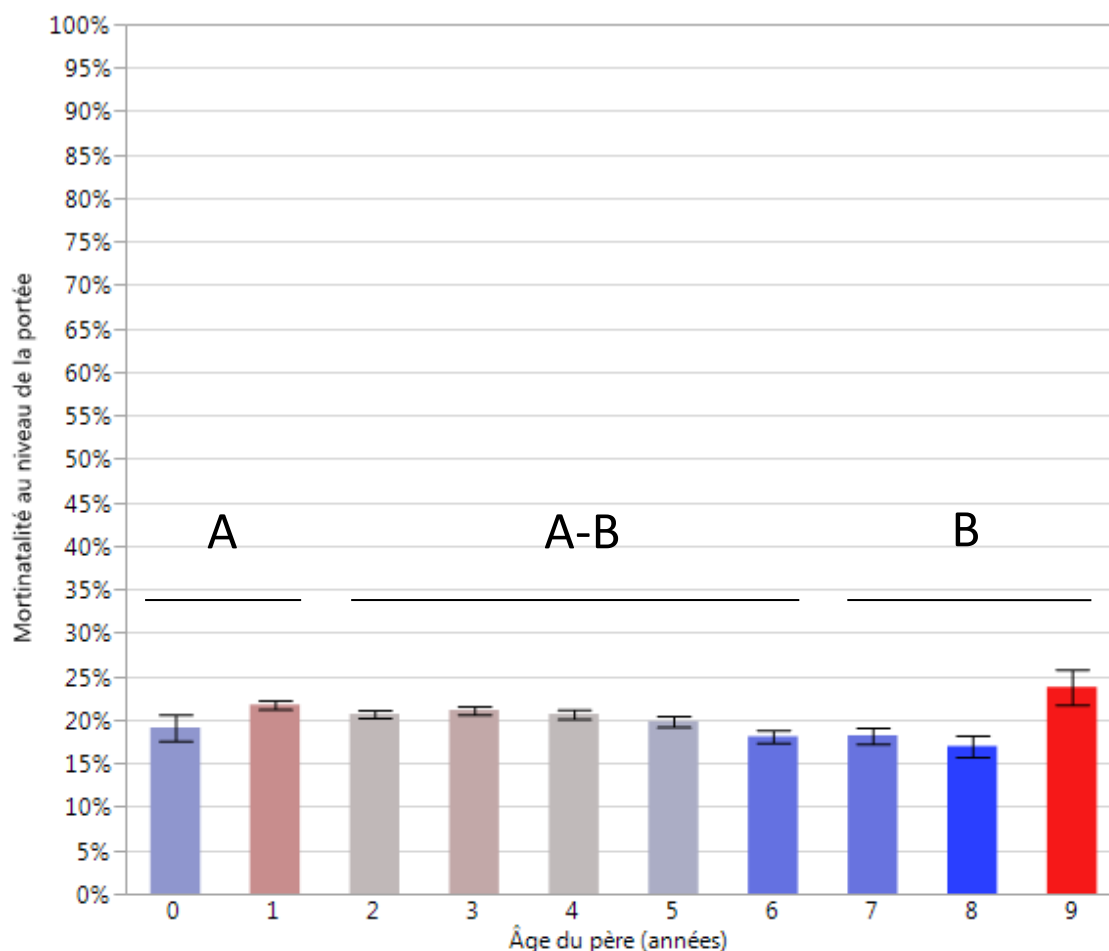


## **2. Influence de l'âge du père**

L'analyse multivariée indique une très forte influence de l'âge du père sur la mortinatalité au sein de la portée ( $P < 0,001$ ). La proportion de portées avec au moins un chiot mort-né est de 19,1% pour les pères de moins d'1 an. Elle avoisine ensuite 21% jusqu'à 5 ans exclus. On observe un taux de portées atteintes de 17,0% pour les pères de 8 ans et de 23,8% pour les pères de 9 ans. L'analyse univariée confirme l'effet significatif de l'âge du père sur la mortinatalité dans la portée ( $P = 0,004$ ). On observe un taux de portées avec mortinatalité maximum pour les portées issues de pères du groupe Jeune (21,5%), et un minimum pour les portées issues de pères du groupe Senior (18,6%) ( $P = 0,001$ ). 20,4% des portées issues de pères du groupe Adulte comprennent au moins un chiot mort-né, ce qui n'est pas significativement différent des groupes Jeune et Senior (respectivement  $P = 0,04$  et  $P = 0,02$ ). Les taux de portées comportant au moins un chiot mort-né en fonction de l'âge du père sont visibles sur la Figure 28.



*Figure 28. Mortinatalité par portée selon l'âge du mâle (n = 37 985)*



### **3. Influence de la taille de la portée**

L'analyse multivariée que nous avons effectuée montre une influence très fortement significative de la taille de portée sur la mortinatalité dans une portée ( $P < 0,001$ ). L'analyse univariée confirme cette influence significative de la taille de portée sur la mortinatalité au sein d'une portée ( $P < 0,01$ ). On observe un maximum de 43,6% de portées comprenant au moins un chiot mort-né pour les grandes portées (groupe G), contre un taux minimum de 10,4% de portées touchées pour les petites portées (groupe P). La différence avec le taux de portées atteintes concernant les portées de taille moyenne (19,3% pour le groupe M) est aussi significative ( $P < 0,01$  dans les trois cas).

### **4. Influence du sex ratio**

L'étude de l'effet du nombre de chiots mâles nés dans la portée sur la mortinatalité au sein de la portée montre une influence très fortement significative selon l'analyse multivariée ( $P < 0,001$ ). L'analyse univariée réalisée sur le sex ratio dans la portée indique également un effet très fortement significatif ( $P < 0,001$ ). Les portées les plus touchées par la mortinatalité sont celles qui comprennent plus de mâles que de femelles (21,7% de portées atteintes pour le groupe M) ou autant de mâles que de femelles (21,0% pour le groupe E) ( $P = 0,24$ ). Les

portées qui comprennent plus de femelles que de mâles sont moins touchées que les autres, avec 18,9% de portées comprenant au moins un chiot mort-né ( $P < 0,001$  dans les deux cas).

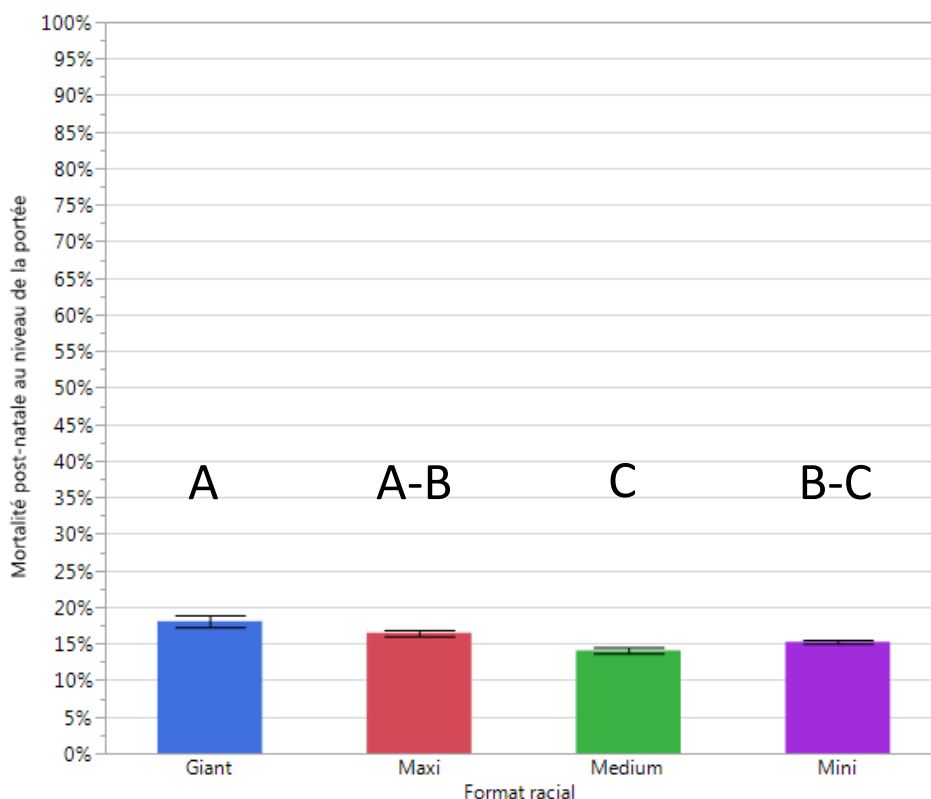
## **B. Mortalité post-natale**

On appelle mortalité post-natale le rapport du nombre de chiots morts après la mise-bas sur le nombre de chiots nés vivants. Nous ne parlons pas de mortalité néonatale car nous ne connaissons pas la date de décès de tous les chiots morts et celles dont nous disposons peuvent atteindre 60 jours d'âge. Dans notre étude, la mortalité post-natale sur 189 637 chiots nés vivants (issus de 37 985 portées) est de 6,5%. La proportion de portées comprenant au moins un chiot mort après la mise-bas est de 15,5%. Là encore, le modèle choisi est une régression logistique. Les facteurs dont l'influence sur la proportion de portées touchées par la mortalité post-natale a été testée : le format racial, l'âge de la mère, celui du père, la provenance du père, la saison de mise-bas, la taille de portée (en nombre de chiots nés vivants) et le sex ratio par portée. Les paramètres ayant une influence significative sont la provenance du père et la taille de portée.

### **1. Influence du format racial**

L'analyse multivariée montre un effet très significatif du format racial sur la mortalité post-natale ( $P < 0,001$ ), confirmé par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). Pour le format Giant, on observe une proportion de portées comptant au moins un chiot mort après la mise-bas plus importante que pour les formats Mini et Medium (respectivement  $P = 0,00058$  et  $P < 0,001$ ), avec 18,1% contre respectivement 15,3% et 14,1%, les résultats des formats Mini et Medium étant similaires ( $P = 0,019$ ). La proportion de portées touchées pour le format Maxi (16,5%) est supérieure à celle du format Medium ( $P < 0,001$ ) mais comparable à celle des formats Giant ( $P = 0,08$ ) et Mini ( $P = 0,011$ ). Les taux de portées comportant au moins un chiot mort après la mise-bas en fonction du format racial sont visibles sur la Figure 29.

*Figure 29. Mortalité post-natale par portée pour chaque format racial (n = 37 985)*



## **2. Influence de la provenance du père**

L'analyse multivariée montre que l'effet de la provenance du père sur la mortalité post-natale au sein d'une portée est très significatif ( $P < 0,001$ ). Ce résultat est confirmé par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). En effet, les portées issues d'un père provenant du même élevage que la mère seraient plus à risque de mortalité post-natale, avec un taux de portées comprenant au moins un chiot mort après la mise-bas de 15,8%, contre 13,3% lorsque les parents sont issus d'élevages différents.

## **3. Influence de la taille de portée**

D'après l'analyse multivariée, la taille de portée (en nombre de chiots nés vivants), a une influence très fortement significative sur la mortalité post-natale au sein d'une portée ( $P < 0,001$ ). Ce résultat est confirmé par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). En effet, les petites portées seraient les plus à risque de mortalité post-natale, avec 26,9% de portées touchées pour le groupe P. Au contraire, on observe un minimum de 18,1% de portées atteintes pour les portées de taille moyenne (groupe M). La différence avec les grandes portées (22,2% pour le groupe G) est également significative ( $P < 0,001$  dans les trois cas).

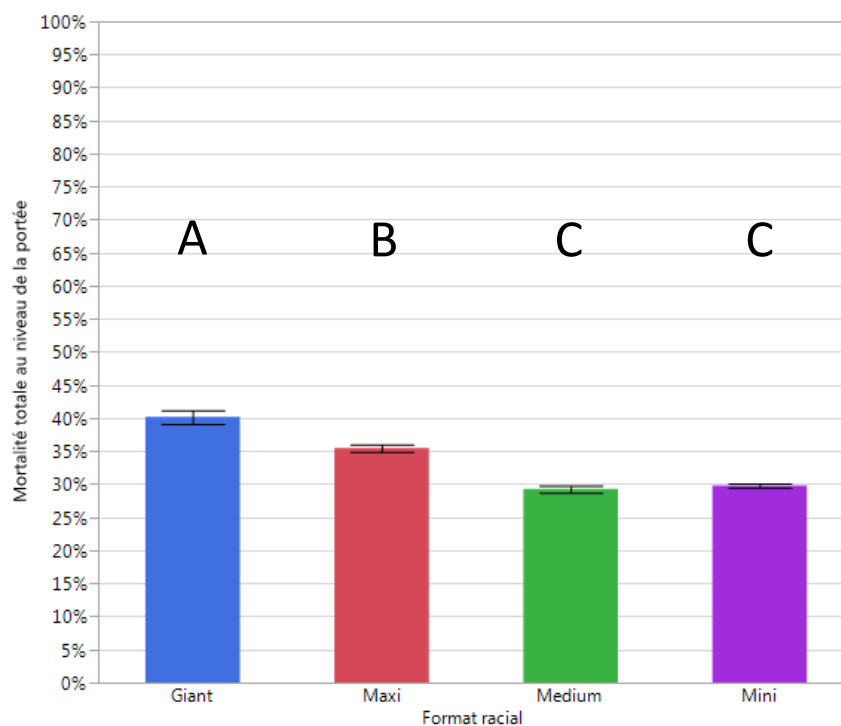
## C. Mortalité totale

On définit la mortalité totale comme le rapport entre le nombre de chiots morts et la taille de la portée. Sur 204 537 chiots issus de 37 985 portées, la mortalité totale est de 13,4% et la proportion de portées comprenant au moins un chiot mort est de 31,5%. Nous avons testé l'influence des facteurs suivants sur la mortalité totale dans une portée : le format racial, l'âge de la mère, celui du père, la provenance du père, la saison de mise-bas, la taille de portée (pondérée par le format racial) et le sex ratio par portée. Pour l'analyse multivariée, nous avons choisi une régression logistique. Les paramètres ayant une influence significative sont le format racial, l'âge du père, sa provenance, la saison de mise-bas, la taille de portée (pondérée par le format racial) et le sex ratio.

### 1. Influence du format racial

L'analyse multivariée indique une influence très fortement significative du format racial sur la mortalité dans une portée ( $P < 0,001$ ), ce qui est confirmé par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). On observe un taux de portées comprenant au moins un chiot mort plus important pour le format Giant que pour les autres formats ( $P < 0,001$  dans les 3 cas), avec 40,2% de portées atteintes contre 35,5% pour le format Maxi ( $P < 0,001$  dans les 3 cas). Les formats Medium et Mini sont ceux qui obtiennent les proportions de portées touchées les plus faibles, avec des taux respectifs de 29,3% et 29,8% ( $P = 0,40$ ). Les taux de portées comportant au moins un chiot mort en fonction du format racial sont visibles sur la Figure 30.

*Figure 30. Mortalité totale par portée selon le format racial (n = 37 985)*

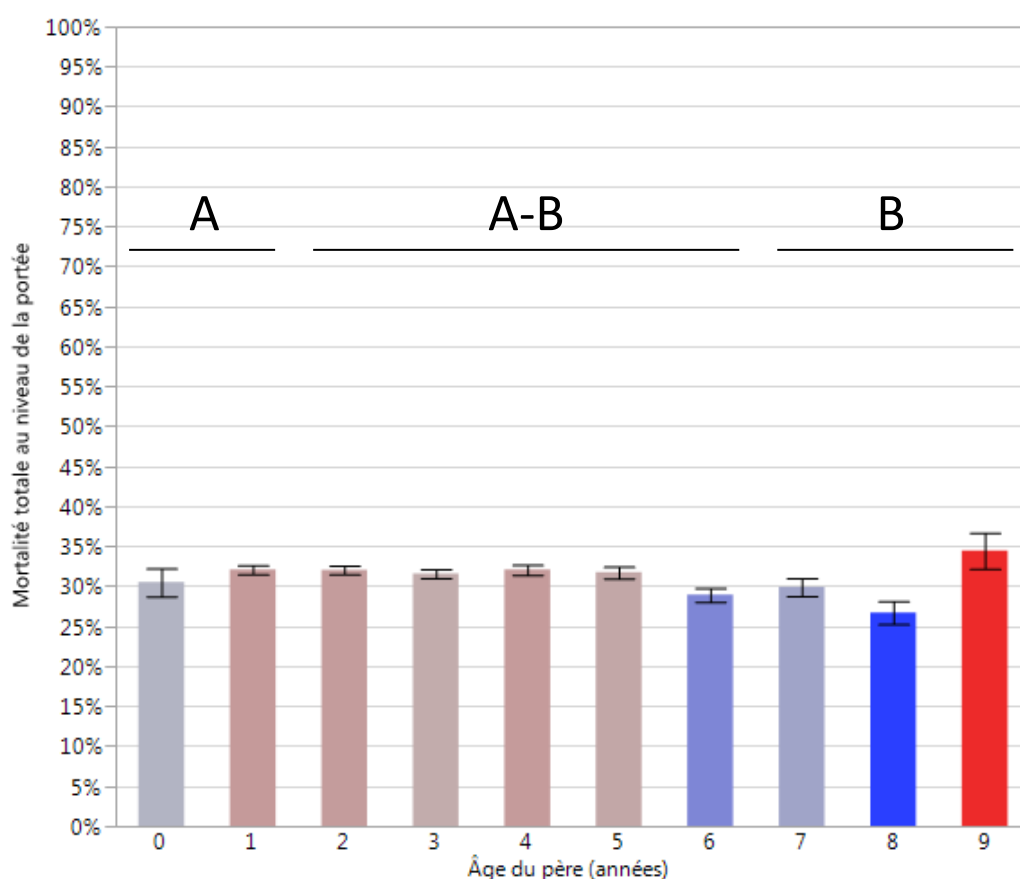


## 2. Influence du père

### a. Influence de l'âge du père

L'analyse multivariée montre un effet significatif de l'âge du père sur la mortalité dans une portée ( $P = 0,0029$ ). Le taux de portées avec mortalité est compris entre 26,7% pour les pères de 8 ans, et 34,5% pour ceux de 9 ans. Cet effet significatif est confirmé par l'analyse univariée ( $P = 0,037$ ). On observe en effet un taux de portées comportant au moins un chiot mort maximal pour les portées issues de pères du groupe Jeune et minimal pour celles qui sont issues de pères du groupe Senior, avec respectivement 32,0% et 29,7% de portées concernées ( $P = 0,014$ ). La proportion de portées issues de pères du groupe Adulte atteintes (31,6%) n'est pas significativement différente des autres ( $P = 0,55$  et  $P = 0,018$  respectivement pour Jeune et Senior). Les taux de portées comportant au moins un chiot mort en fonction de l'âge du père sont visibles sur la Figure 31.

*Figure 31. Mortalité totale par portée selon l'âge du mâle ( $n = 37\,985$ )*



### b. Influence de la provenance du père

L'analyse multivariée met en évidence une influence significative de la provenance du père sur la mortalité dans la portée ( $P = 0,0194$ ). Ce résultat n'est pas confirmé par l'analyse univariée, qui ne détecte pas de différence significative selon la provenance du mâle ( $P = 0,50$ ). On observe en effet des taux de portées comprenant au moins un chiot mort voisins, avec 31,9% dans le cas où les parents proviennent d'élevages différents, et 31,4% dans le cas contraire.

### **3. Influence de la taille de portée**

L'analyse multivariée montre un effet très fortement significatif de la taille de portée sur la mortalité par portée ( $P < 0,001$ ), confirmé par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). Les petites portées sont les moins touchées, avec 19,3% de portées comportant au moins un chiot mort pour le groupe P. Au contraire, les grandes portées sont les plus atteintes, avec 54,0% des portées du groupe G comprenant au moins un chiot mort. La différence est également significative avec les portées moyennes (groupe M), qui obtiennent 31,0% de portées touchées. ( $P < 0,001$  dans les trois cas).

### **4. Influence du sex ratio**

Le modèle multivarié montre un effet très fortement significatif du nombre de chiots mâles nés dans la portée sur la mortalité par portée ( $P < 0,001$ ). L'influence très fortement significative du sex ratio dans la portée est confirmée par l'analyse univariée ( $P < 0,001$ ). On observe un maximum de 32,7% de portées atteintes lorsque la portée contient plus de mâles que de femelles, contre un minimum de 30,1% de portées touchées dans le cas contraire ( $P < 0,001$ ). La différence avec les 31,6% de portées comptant autant de mâles que de femelles atteintes n'est pas significative ( $P = 0,11$  et  $P = 0,025$  respectivement pour les portées comportant plus de mâles et celles comportant plus de femelles).

## **V. PERFORMANCES DE REPRODUCTION DES 10 RACES LES PLUS REPRESENTEES**

Les performances de reproduction d'une race en particulier étant souvent mal connues, nous avons cherché à décrire celles des 10 races les plus représentées de notre fichier. Ces quelques 11 970 chiennes des races les plus représentées représentent 43,8% de la population initiale de notre étude. Nous avons obtenu pour chaque race les taux de gestation, d'avortement et de mise-bas, la taille de portée médiane, ainsi que les taux de mortalité des chiots (mortalité post-natale, mortalité totale).

*Tableau 10. Distribution des chiennes selon la race (n=21 179)*

<b>Race</b>	<b>Nombre de chiennes</b>	<b>Proportion de chiennes sur la population totale (%) (n=46 393)</b>
Chihuahua	2132	7,8
Yorkshire terrier	1698	6,2
Cavalier King Charles Spaniel	1668	6,1
Bouledogue français	1425	5,2
Berger allemand	1093	4,0
Shih tzu	850	3,1
Jack Russel terrier	824	3,0
Labrador retriever	793	2,9
Golden retriever	764	2,8
Cocker anglais	723	2,7

*Tableau 11. Indices de fertilité selon la race (n=21 179)*

<b>Race</b>	<b>Taux de gestation (%)</b>	<b>Taux de mise-bas (%)</b>	<b>Taux d'avortement (%)</b>
Shih tzu	90,8	86	4,9
Jack Russel terrier	90,6	84,3	6,2
Cocker anglais	89,7	83,2	6,4
Golden retriever	88,6	84,5	4,1
Yorkshire terrier	88,6	82,2	6,4
Labrador retriever	88,1	82	6,1
Cavalier King Charles Spaniel	87,9	81,7	6,2
Chihuahua	87,5	80,8	6,6
Berger allemand	85,9	80,4	5,5
Bouledogue français	84,3	76,7	7,7

*Tableau 12. Taille de portée médiane selon la race (n=17 293)*

<b>Race</b>	<b>Taille de portée médiane</b>
Golden retriever	8
Labrador retriever	7
Berger allemand	6
Cocker anglais	6
Bouledogue français	5
Jack Russel terrier	5
Shih tzu	5
Cavalier King Charles Spaniel	4
Yorkshire terrier	4
Chihuahua	3

*Tableau 13. Mortalité des chiots selon la race (n=17 293)*

<b>Race</b>	<b>Mortinatalité (%)</b>	<b>Mortalité post-natale (sur nés vivants) (%)</b>	<b>Mortalité totale (%)</b>
Jack Russel terrier	5,5	6,9	12,1
Shih tzu	5,2	7,6	12,4
Golden retriever	7,5	5,6	12,7
Berger allemand	7,8	5,4	12,8
Labrador retriever	8,4	5	12,9
Yorkshire terrier	7,4	6,9	13,8
Cocker anglais	6,4	8,3	14,2
Chihuahua	8	7,1	14,5
Cavalier King Charles Spaniel	8,8	7,5	15,6
Bouledogue français	10,3	10,2	19,4



## QUATRIEME PARTIE : DISCUSSION

Notre étude a exploité une base de données fournie par une entreprise privée pour obtenir des informations sur les performances de reproduction de l'élevage canin français. Cette démarche, nouvelle en France, présente plusieurs intérêts. Tout d'abord, Royal Canin est l'une des entreprises leaders sur le marché de la nutrition canine haut de gamme et s'intéresse particulièrement à l'élevage. Le logiciel a donc pu être présenté à un large réseau d'éleveurs partout en France, sans biais de recrutement a priori (contrairement à une compagnie d'assurance par exemple). Par ailleurs, l'intérêt du logiciel pour la gestion de l'élevage motive son utilisation et donc la mise à disposition de données par l'éleveur. De plus, la collecte se fait sans nécessiter la moindre démarche de l'éleveur, puisque c'est simplement son utilisation du logiciel qui a été enregistrée. La littérature que nous avons citée en introduction suggère que cette praticité de la collecte d'informations permet d'augmenter la quantité de données obtenues, ce qui constitue l'un des piliers de notre démarche. Cette extraction de données, bien que coûteuse, peut être réalisée de façon répétée dans le temps et ainsi permettre le suivi d'une cohorte, dont nous avons déjà évoqué l'utilité. L'éleveur peut saisir des données dans le logiciel au moment où il le souhaite, ce qui permet à la fois de faciliter sa participation et de diminuer le nombre d'erreurs liées à des oublis, contrairement aux questionnaires envoyés à intervalles fixes. Enfin, l'information nous a été transmise de manière anonyme. Cela confère d'une part un avantage du point de vue éthique, et d'autre part concernant la fiabilité des informations.

Néanmoins, certains biais sont possibles. Bien que le logiciel ait été proposé à titre gratuit, il ne l'a été qu'aux éleveurs clients de l'entreprise Royal Canin, qui vend donc un aliment de haut de gamme. On peut penser qu'une sélection s'est donc établie sur le type d'éleveurs ayant participé à cette étude. De plus, beaucoup d'éleveurs français sont des particuliers, dont on peut penser qu'ils seront moins démarchés par les vendeurs d'aliments que les grosses structures. Par ailleurs, le manque de déclaration des éleveurs et d'études menées fait que nous ne connaissons, à l'heure actuelle, ni une estimation fiable du nombre d'éleveurs en France, ni les caractéristiques de l'élevage français. Nous ne pouvons donc pas établir la représentativité de nos données avec certitude. Cependant, la limite principale de notre méthode est l'absence de tout moyen de contrôle de la qualité de l'information. Si cette information est relativement simple et objective (essentiellement des dates et des nombres de chiots), nous avons constaté la présence d'erreurs, qui semblent parfois simplement liées à une mauvaise saisie. On pourra envisager pour les futures utilisations du BMS d'inclure des systèmes empêchant la saisie de données ostensiblement incohérentes (telles que des dates futures, des tailles de portées aberrantes, des durées de gestation non compatibles avec la biologie, ou encore des nombres de chiots morts supérieurs aux nombres de chiots nés). D'autres erreurs sont simplement liées à l'opérateur, dont la saisie de données ne sera a priori pas contrôlée. On peut aussi considérer le niveau technique des éleveurs, qui n'a pas fait l'objet d'études mais que l'on peut supposer hétérogène en France, et qui pourrait avoir une influence sur la qualité de l'information. Enfin, comme pour tout questionnaire, la qualité de l'information de cette étude repose sur la bonne foi de l'éleveur, et, malgré une épuration des données visant à améliorer cette qualité, nous ne pouvons l'évaluer objectivement.

# **I. POPULATION ETUDIEE**

Cette étude sur la reproduction canine est, à ce jour à notre connaissance, celle qui regroupe le plus grand nombre d'animaux sans utiliser les registres d'un kennel club, avec 204 537 chiots de 242 races provenant de 37 946 portées et de 5 667 élevages.

Notre étude a d'abord obtenu des valeurs absolues pour différents formats raciaux, races, âges des reproducteurs, etc. pour des effectifs importants et donc avec une grande puissance statistique. Celle-ci est d'ailleurs tellement importante que les méthodes appliquées habituellement en biologie peuvent se révéler inadaptées ou du moins insuffisantes. Ainsi, sur 5 paramètres testés, nous avons identifié 4 facteurs ayant un effet sur la gestation par exemple, avec parfois des différences significatives de moins de 2%. Or, si une telle différence est visible à l'échelle de larges populations comme celle dont nous disposons dans notre étude, il sera difficile de la constater sur le terrain, à l'échelle de l'élevage. Il faudrait ainsi adapter le seuil de significativité à la taille de l'élevage. En effet, sur un élevage de 10 chiennes, observer 1 gestation de plus correspond à 10% de différence, bien loin de nos 2% significatifs. En revanche, dans des structures de très grande taille, la différence peut avoir une importance réelle. La grande taille de cette population est à la fois un atout et une limite.

La période étudiée dure 11 ans, mais plus de 99% des données ne s'étalent que sur 4 ans, de 2010 à 2014, que nous considérons comme une période suffisamment restreinte pour que les animaux soient dans les mêmes conditions sans évolution génétique notable. Bien qu'un élevage contribue jusqu'à 473 fois, 91% des élevages ne contribuent que jusqu'à 20 épisodes de chaleurs. Nous considérons donc que le nombre d'élevages est suffisamment important pour nous affranchir de l'effet élevage. Il en va de même pour un éventuel effet chienne, puisque 92% des 27 221 chiennes ne contribuent que jusqu'à 3 fois.

Les groupes dont nous disposons dans cette étude ne sont pas toujours homogènes et sont rarement de taille équivalente, mais nous espérons que ceux-ci reflètent les proportions de la population canine des élevages français. Comme les formats raciaux sont délimités uniquement par rapport au poids supposé des animaux, un même format racial regroupe des races de chiens très différentes les unes des autres, avec potentiellement une aptitude à la reproduction variable. En effet, un grand chien de conformation très fine peut faire le même poids qu'un chien plus petit et trapu.

Concernant les formats raciaux, nous avons constaté que le format Mini était le plus représenté. Quatre des cinq races les plus populaires dans notre étude appartiennent à ce format. On peut penser qu'une partie de ce succès provient d'une certaine praticité du petit format, qui peut être plus adapté à une vie urbaine, contrairement aux chiens de format Giant, moins représentés ici. En conséquence, le format Mini influence davantage les résultats obtenus pour la population globale, et on retrouve souvent une tendance commune entre les deux. Au contraire, les résultats pour le format Giant sont moins précis que ceux obtenus pour le format Mini.

Dans le but d'améliorer la qualité de nos résultats, nous n'avons pas pris en compte les âges des chiennes dépassant 8 ans ni ceux des mâles de plus de 9 ans. Nous ne pouvons donc pas donner l'âge maximal des animaux mis à la reproduction. Cependant, nous n'avons ainsi enlevé qu'1,0% des données concernant l'âge des chiennes et 1,6% concernant celui des mâles. Sur l'ensemble de la population, 94,7% des chiennes avaient moins de 7 ans, ce qui correspond aux recommandations de la littérature [183, 187]. Chez le chien, l'âge de la puberté dépend du format et de la race, mais aussi de facteurs environnementaux comme la

nutrition. Il est généralement compris entre 6 et 14 mois [203], mais peut atteindre 18 à 20 mois pour les grandes races. En comparant les différents formats, la proportion de femelles Mini jusqu'à 1 an semble légèrement supérieure à celle des autres formats. La moyenne totale de l'âge des femelles Mini est aussi la plus petite des 4 formats. Ce résultat paraît cohérent avec l'âge de l'apparition des premières chaleurs, qui est corrélé positivement avec le format racial [203]. Cependant, des analyses statistiques seraient nécessaires pour conclure.

Dans notre étude, les deux parents provenaient du même élevage dans 88,5% des cas. Cette large majorité donne des informations sur les pratiques d'élevage actuelles en France, pour lesquelles on trouve encore peu de données dans la littérature. La définition de ce facteur ne nous a pas été décrite de manière précise, et nous ne savons pas s'il signifie que le reproducteur était né dans le même élevage que la chienne ou s'il a été acquis à l'âge adulte. Cette information aurait pu laisser supposer une influence des pratiques d'élevage pendant la jeunesse des reproducteurs, de l'environnement antigénique et la protection immunitaire pendant cette période, voire du degré de parenté entre les reproducteurs. Des informations supplémentaires auraient cependant été nécessaires, par exemple sur la lignée des animaux dans ce dernier cas.

Les saillies et les mise-bas semblaient réparties de manière homogène sur l'année, avec respectivement un écart maximal de 4,4% entre l'automne et l'hiver concernant les saillies et un écart de 3,7% entre l'automne et le printemps concernant les mise-bas. Ce constat est en accord avec le fait que la chienne est considérée comme une espèce non-saisonnée (excepté le Basenji, qui contribue seulement à 0,0003% de nos données) [203]. Pourtant, une étude suédoise a montré une variation significative de la proportion de saillies réalisées sur 283 reproductrices selon la saison, dans un élevage privé de la race Drever [204]. Corroborant ce constat, une autre étude rapporte des inséminations artificielles plus fréquentes en hiver et au printemps qu'en été [210]. Ces résultats peuvent en partie s'expliquer par une pratique d'élevage visant à fournir des chiots à des périodes précises. En effet, les éleveurs peuvent chercher à modifier l'intervalle inter-œstrus de la chienne afin de choisir une date de mise-bas qui leur convienne. Ils peuvent ainsi cibler une période où la demande en chiots serait plus forte. On peut aussi penser que les éleveurs mettent préférentiellement à la reproduction les chiennes venant en chaleurs aux périodes favorables pour la vente des chiots. Cependant, on peut aussi penser à une cause biologique de cette saisonnalité. En effet, d'autres études rapportent un nombre plus important de chiennes ayant, sous un climat tempéré, leurs chaleurs en hiver et au printemps comparé à l'automne et surtout à l'été [205, 208]. Les périodes concernées dépendraient des conditions climatiques et donc de la zone géographique d'étude [204, 206, 208, 225]. Cependant, l'expression de cette variation de l'incidence des chaleurs peut être subtile [205], probablement masquée par les conditions de vie de l'animal [208]. En effet, l'effet de la saison ou du mois serait lié à des facteurs environnementaux, notamment de photopériode, de température et d'humidité [204, 206, 208]. Ainsi, des femelles vivant à l'extérieur, sans contrôle des facteurs environnementaux, seront plus susceptibles d'exprimer une variation de l'activité œstrale selon la saison [208]. Ce discret effet de la saison sur les périodes d'œstrus correspondrait aux vestiges d'une saisonnalité plus marquée présente chez un ancêtre commun avec le loup. D'autres facteurs environnementaux tels que la nutrition [209] peuvent modifier l'activité œstrale. Le mode de vie, en particulier la vie en collectivité, pourrait également être à prendre en compte [208].

Enfin, les mêmes auteurs suédois ont obtenu une variation significative du taux de mise-bas selon la saison, avec davantage de portées mises au monde en hiver et au printemps [204]. L'étude américaine portant sur 87 880 enregistrements de portées auprès de l'American Kennel Club que nous avons citée plus haut rapporte également une distribution saisonnière des naissances [207]. L'étude de Borge et al. [211], en Norvège, qui compte 10 810 portées,

ainsi qu'une autre étude suédoise [163] pourtant sur 822 portées d'Irish Wolfhounds, semblent aussi détecter une variation du nombre de portées nées selon la saison. Ces différences sont à relier aux variations du taux de saillies évoquées dans le paragraphe précédent, et les auteurs les attribuent là encore à des pratiques d'élevage, mais aussi à des facteurs environnementaux et génétiques [207]. Néanmoins, l'évaluation de différents paramètres en fonction de la saison de saillie et en fonction de la saison de mise-bas n'est pas exactement équivalente, dans le sens où la durée de la gestation chez la chienne est variable, en particulier lorsqu'on définit le début de la gestation comme la première saillie ou insémination artificielle (et non comme le pic de LH pré-ovulatoire), auquel cas la gestation peut s'étaler sur 56 à 70 jours [212]. De plus, d'autres facteurs, notamment la race [213, 214], et, selon les études, la taille de la portée [204, 213-215], influenceraient la durée de gestation de la chienne.

## **II. GESTATION, AVORTEMENT, MISE-BAS : LA FERTILITE**

Les taux de gestation et de mise-bas normaux de l'espèce canine sont difficiles à établir, notamment du fait de la variation selon le mode de reproduction choisi, saillie naturelle ou insémination artificielle, qui peut donner un taux de gestation ou de mise-bas légèrement inférieur voire équivalent à la saillie naturelle [193, 217, 218], ou bien nettement moindre selon le nombre d'inséminations réalisées [219], les conditions de conservation de la semence (fraîche, réfrigérée, congelée) [219] et l'endroit du tractus génital de la femelle où la semence est déposée [217, 218]. La réalisation ou non d'un suivi du cycle (frottis vaginal et dosage de la progestérone) a également un impact sur la réussite d'une saillie. Ces conditions de fécondation non-standardisées et parfois non-renseignées diminuent la fiabilité des rares cas où ces taux ont été évalués à l'échelle d'une population importante [189]. Nous ne connaissons, dans cette étude, ni l'état des chiennes ni leur environnement, et les conditions de fécondation ne sont pas standardisées. L'étude rétrospective menée par Tonnessen et al. sur 10 810 portées de 224 races différentes enregistrées au Norwegian Kennel Club entre 2006 et 2007 a montré que la saillie naturelle était de loin la méthode de fécondation la plus utilisée dans leur fichier, avec 9 756 saillies, devant 376 inséminations artificielles avec de la semence fraîche et 124 avec de la semence congelée [211]. Etant donné l'aspect pratique, économique et les meilleurs résultats de fertilité associés à la saillie naturelle, nous supposons que les méthodes de fécondation ont été choisies dans des proportions voisines dans notre étude, ce qui semble cohérent avec la proportion élevée de mâles provenant du même élevage que la femelle. Les rapports annuels publiés par la SCC semblent peu fiables : le caractère non-obligatoire de la déclaration par les éleveurs laisse penser que ces rapports sur-estiment probablement le taux de fertilité réel de la chienne, tandis qu'une étude suggère plutôt une sous-estimation liée à la variabilité des conditions d'accouplement [189]. Enfin, la littérature s'intéresse davantage à la fertilité, c'est-à-dire la capacité à produire des chiots, qu'au déclenchement ou non de la gestation, événement plus spécifique. On trouve donc généralement des taux de fertilité ou de mise-bas mais moins fréquemment des taux de gestation. Une étude française a déterminé un taux de fertilité des chiennes de pure race de 75,4% après saillie naturelle ou insémination artificielle avec suivi de chaleurs (cytologie vaginale et dosages de progestérone) [189]. Parmi les causes d'infertilité des chiennes les plus fréquentes, on trouve tout d'abord un accouplement ou une insémination artificielle réalisée à un moment inopportun, lié à une évaluation du moment de l'ovulation erronée ou absente. L'infertilité du mâle, notamment une qualité insuffisante de la semence, est une cause fréquente d'accouplement infructueux dans l'espèce canine. Une affection ovarienne

(insuffisance lutéale) ou utérine (endométrite) peut perturber la gestation. Certains agents infectieux tels que l'Herpèsvirus canin auraient une action spermicide ou favoriseraient une mort embryonnaire précoce. La santé, mais aussi l'état corporel et l'alimentation de la mère, jouent un rôle important dans la mise en place et le déroulement de la gestation [192]. Si les taux de gestation et de mise-bas sont liés, ils ne sont pas strictement équivalents, puisque la gestation peut être interrompue à tous les stades : mort embryonnaire, résorption fœtale, avortement plus ou moins précoce et mortinatalité. De plus, le diagnostic de gestation s'effectue généralement au plus tôt 3 semaines après le début de la gestation et peut varier selon la technique utilisée. Ainsi, une gestation interrompue précocement (avant 35 jours de gestation) peut passer inaperçue. La littérature estime par exemple le taux de résorption fœtale de la chienne entre 11% et 30% [222]. Chez la chienne, l'arrêt de la gestation peut être total ou partiel, auquel cas elle ne concerne pas tous les embryons. Les pertes embryonnaires ou fœtales sont le plus souvent associées aux causes d'infertilité que nous avons mentionnées (une inflammation, des déséquilibres hormonaux, une infection, un régime alimentaire inadapté ou un stress environnemental). Parmi ces pertes, l'avortement se définit comme la délivrance d'un ou plusieurs fœtus incapables de survivre hors de l'utérus, et ne concerne qu'une petite partie des interruptions de gestation. Nos connaissances en matière d'avortement canin sont encore minces. Contrairement à l'espèce bovine, la déclaration d'un avortement par l'éleveur n'est pas obligatoire. De plus, peu d'avortons sont envoyés en laboratoire pour diagnostic, et ce pour plusieurs raisons : la chienne ingère ou cache souvent les fœtus morts, le coût de l'analyse est souvent important et la cause spécifique est rarement identifiée [221, 223]. Enfin, dans l'espèce canine, les avortements peuvent être difficiles à diagnostiquer, à cause du manque de signes cliniques présentés par la chienne (souvent aucun ou simplement un court malaise ou épisode d'anorexie) [221]. Ils sont dus le plus souvent à un agent infectieux mais la cause peut aussi être traumatique, néoplasique, iatrogénique ou toxique, hormonale ou liée à une anomalie congénitale [220]. L'incidence des avortements dans l'espèce canine reste inconnue à ce jour [222]. Le taux d'avortement obtenu dans notre étude est de 6,0% sur l'ensemble des chaleurs (n=46 393) et de 6,8% sur l'ensemble des gestations (n=40 748). Notre étude ne prend pas en compte les avortements partiels et considère qu'une chienne gestante a par la suite soit mis bas soit avorté.

Notre étude est, à notre connaissance, la première à évaluer la gestation, la mise-bas et les avortements sur un échantillon aussi important. En effet, la plupart des études de la reproduction canine à grande échelle ayant utilisé les registres de kennel clubs, donc seulement de portées déjà mises au monde, elles ne proposent pas de taux de gestation, de mise-bas ou d'avortement avec lequel nous pourrions comparer nos résultats. Le taux de gestation de 87,8% obtenu sur l'ensemble de la population de notre étude est voisin des taux de mise-bas que nous allons détailler ci-après, ce qui pourrait laisser penser à de bonnes performances moyennes de l'élevage français. Une étude turque menée sur 79 chiennes de 4 races pendant 9 ans rapporte 71,2% de gestation par saillie naturelle. Le moment de la saillie a été choisi par cytologie vaginale et le diagnostic de gestation réalisé 25 jours après la saillie par échographie. Cependant, les auteurs comparent ensuite ce résultat à des taux de mise-bas et non à des taux de gestation [224]. Un taux de 100% de gestation a été obtenu par saillie naturelle de 20 chiennes Bouledogue français brésiliennes âgées de 1 à 4 ans nourries avec un aliment haut de gamme et saillies par des mâles dont la capacité de reproduction avait été vérifiée (notamment la qualité de la semence) [193]. Le moment de la saillie était déterminé par suivi cytologique vaginal et le diagnostic de gestation réalisé 25 à 35 jours après la saillie, par échographie. Selon les protocoles d'insémination artificielle, on trouve dans la littérature des taux variant de moins de 50% [191, 219] à 100% [193].

Nous avons obtenu un taux de mise-bas de 81,9% sur l'ensemble des chaleurs (n=46 393), et de 93,2% sur l'ensemble des gestations (n=40 748). Ce taux de presque 82%

sur l'ensemble de la population est en accord avec la littérature, qui prend généralement la référence de 85% [226]. Une étude norvégienne menée sur 92 chiennes de 32 races différentes suivies par cytologie vaginale décrit 92% de mise-bas après saillie naturelle (25 chiennes), 84% après insémination artificielle avec semence fraîche par voie intra-utérine (25 chiennes), 67% après insémination intra-utérine en semence congelée (30 chiennes) et 25% avec de la semence fraîche par voie intra-vaginale (12 chiennes) [217]. Une étude kenyane portant sur 594 chiennes Berger Allemand provenant de 280 élevages différents rapporte un taux de mise-bas qui s'élève à 95,5% [225]. L'étude suédoise menée sur 285 saillies au sein d'un élevage privé de Drever rapporte 78,6% de mise-bas [204]. Une étude thaïlandaise menée sur 53 chiennes de 4 races différentes pendant 7 ans a obtenu un taux de mise-bas moyen de 64,4% après saillie naturelle mais les auteurs soupçonnent une influence néfaste des fortes températures du climat tropical sur le taux de mise-bas [206].

Dans notre étude, l'analyse multivariée a montré un effet du format racial sur la fertilité, à la fois sur les taux de gestation, d'avortement et de mise-bas. On observe en particulier un format Giant moins performant que les autres, présentant des taux de gestation et de mise-bas inférieurs aux autres et des taux d'avortement supérieurs. On constate également dans notre étude un taux de gestation plus élevé pour le format Medium que pour les autres, un taux de mise-bas également plus élevé que pour les formats Giant et Mini ainsi qu'un taux d'avortement plus faible que pour ces deux mêmes formats. La différence maximale de taux de gestation que nous obtenons, entre les formats Medium et Giant, est de 5%. Bien que la littérature montre des variations importantes de la fertilité selon la race [187-189], il s'agit principalement de durée de l'inter-œstrus, durée de gestation ou de taille de la portée. Le taux de mise-bas, lui, ne semble pas différer significativement d'une race à l'autre [206, 224]. Quant au format racial, plusieurs études observent des fertilités comparables pour des chiens de tailles différentes [187, 202]. Il pourrait y avoir un véritable effet du format de l'animal que nous avons pu détecter grâce à la puissance statistique de notre étude, ou bien l'influence de facteurs que nous n'avons pas encore identifiés et qui favoriseraient les races de ce format par rapport à la reproduction. On peut par exemple penser à des différences liées au mâle : la quantité ou la vélocité des spermatozoïdes produits pourraient être liées au format racial et jouer un rôle dans la fertilité.

Nos analyses statistiques montrent également un effet de l'âge de la femelle sur les taux de gestation, de mise-bas et d'avortement. A partir de 5 à 8 ans, la littérature décrit une baisse des taux de gestation et de fertilité chez la chienne, à cause notamment de remaniements utérins qui font suite à une exposition répétée aux œstrogènes et à la progestérone [187, 188, 192]. L'analyse univariée montre que les taux de gestation et de mise-bas sont significativement plus élevés pour les chiennes jusqu'à 6 ans inclus que pour les autres. Nous avons observé un taux de gestation et de mise-bas minimum (respectivement de 83,5% et 75,2%) chez les mères de 7 ans, contre 88,9% et 83,5% pour les mères de 2 ans au maximum. On remarque également que les taux obtenus pour les femelles de moins d'1 an sont proches du minimum. On peut penser que ces chiennes sont primipares. Or, la parité aurait un effet sur le taux d'avortement, et la primiparité en particulier augmenterait le risque d'avortement [190]. Par ailleurs, en miroir des taux de gestation et de mise-bas, les chiennes jusqu'à 6 ans présentent des taux d'avortement significativement moins élevés que les autres. On observe un taux d'avortement minimum chez les chiennes de 2 ans et les taux les plus élevés sont obtenus chez les chiennes de moins d'1 an et de 7 ans.

Dans notre étude, l'âge du mâle a un effet sur les taux de gestation et de mise-bas, mais pas sur le taux d'avortement. L'analyse univariée confirme des taux de gestation significativement plus élevés pour les saillies réalisées par des mâles jusqu'à 6 ans inclus que pour les autres. Elle ne détecte cependant pas de différence significative concernant la mise-

bas. On observe une baisse des taux de gestation et de mise-bas pour les mâles de 8 et 9 ans. L'effet de l'âge du mâle semble plus important sur la gestation que sur la mise-bas ( $P=0,0002$  pour la gestation contre  $P=0,0108$  pour la mise-bas), ce qui suggère un rôle plus important de l'âge du mâle sur la fécondation et l'implantation de l'embryon que sur sa survie à long terme. Cette diminution de la fertilité avec des mâles plus âgés peut s'expliquer notamment par une diminution de la qualité de la semence, l'une des principales causes d'infertilité canine que nous avons citées plus haut. En effet, plusieurs études ont mis en évidence une diminution de la proportion de spermatozoïdes normaux avec l'âge des chiens, en particulier à partir de 9 ans [194, 195]. Celle-ci pourrait être due à une spermatogenèse incomplète ou défectueuse, éventuellement liée à une dégénérescence testiculaire ou à un nombre de spermatides matures insuffisant [199]. Les chiens âgés produiraient également une quantité de spermatozoïdes par éjaculat plus faible [200], avec par exemple une baisse à partir de 6 ans chez le Dalmatien [201], à partir de 8 ans dans une étude regroupant 6 races différentes [187]. On remarque aussi parfois de meilleures performances pour des animaux plus âgés, par exemple un taux d'avortement chez les femelles de 8 ans inférieur à celui des femelles de 7 ans. On peut penser, comme les effectifs des animaux vont en diminuant à partir d'un certain âge, que les éleveurs ne conservent pour la reproduction que les bons reproducteurs, créant ainsi un biais de sélection. Le fait que l'âge des mâles ait un effet sur le taux de mise-bas et pas sur le taux d'avortement laisse penser que l'âge du mâle pourrait plutôt influencer les stades d'interruption de gestation précoces, notamment la non fécondation, la mortalité et la résorption embryonnaire, principalement par la qualité de sa semence. Cela peut aussi laisser penser que les avortements sont plus souvent dus à des causes non-liées à l'âge du mâle, ce qui semble compatible avec la plupart des étiologies que nous avons citées plus haut.

Un autre facteur ayant un effet sur la gestation et la mise-bas mais pas sur l'avortement est l'appartenance du mâle à l'élevage. On constate en effet des taux de gestation et de mise-bas plus importants lorsque le mâle vient de l'extérieur, avec une différence d'environ 1% seulement. Nous n'avons pas eu accès aux informations généalogiques des animaux. Aussi nous pourrions envisager un degré de parenté plus élevé entre les reproducteurs appartenant au même élevage qu'entre ceux issus de deux élevages différents. La littérature montre en effet une baisse de la fertilité avec le coefficient de consanguinité des animaux [230] qui serait compatible avec cette hypothèse. Là encore, ce facteur pourrait avoir plus d'influence sur les stades précoces d'arrêt de la gestation, puisqu'il n'a pas d'effet sur l'avortement.

Enfin, selon nos résultats, la saison de saillie n'a pas d'effet sur la gestation. Par contre, elle en a un sur la mise-bas et sur l'avortement. Une étude mexicaine avait trouvé une distribution significativement différente de la gestation de chiennes selon la saison sur une population de 57 chiens errants et avait ainsi soulevé l'hypothèse d'une infertilité saisonnière de la chienne [227]. Dans la mesure où nos conditions d'études sont extrêmement différentes (chiennes d'élevage, climat tempéré), nos résultats ne vont pas dans ce sens concernant la gestation, contrairement à l'avortement et la mise-bas. Cette infertilité saisonnière serait donc, dans notre cas, plus tardive. On observe en effet un taux d'avortement supérieur aux autres pour les chiennes saillies en été et, dans une moindre mesure, un taux d'avortement plus important pour les chiennes saillies en hiver qu'au printemps. Encore une fois, la différence maximale n'est que de 2%. Quant aux mises-bas, nous obtenons des taux plus élevés pour les saillies réalisées au printemps par rapport à ceux d'été et d'hiver, ainsi qu'un taux plus élevé pour les saillies d'automne que pour celles d'été. L'étude thaïlandaise que nous avons déjà citée a obtenu le taux de mise-bas le plus important pour les saillies réalisées en septembre, pendant la saison humide et, à l'inverse, les taux les plus bas correspondaient aux saillies réalisées en été [206]. L'humidité semble être effectivement un paramètre à prendre en compte et qui pourrait favoriser la fécondité canine. En effet, sous nos latitudes aussi, l'été est

la saison la plus sèche. De plus, l'étude mexicaine que nous venons d'évoquer a elle aussi observé un nombre plus important de chiennes gestantes pendant les mois humides [227]. Enfin, une étude suédoise ayant réalisé des inséminations artificielles tout au long de l'année y compris avec de la semence congelée à différentes périodes rapporte un taux de mise-bas minimal en juillet [229], suggérant ainsi le rôle prédominant de la femelle par rapport au mâle dans cette saisonnalité. Cependant, des études réalisées dans d'autres espèces suggèrent aussi une incidence d'anomalies morphologiques des spermatozoïdes plus forte en été [228].

### **III. TAILLE DE PORTEE**

La moyenne de 5,4 chiots par portée obtenue sur l'ensemble de la population est la même que celle obtenue dans l'étude de Borge et al. [211], qui compte 10 810 portées de 224 races du kennel club norvégien. Cette étude exploite les registres du kennel club norvégien mais utilise la déclaration des éleveurs sur le nombre de chiots nés vivants et nés morts, de la même manière que nous. La taille de portée ne peut donc pas être sous-estimée à cause d'une déclaration tardive des seuls chiots survivants (à l'âge 4 à 8 semaines) comme c'est le cas pour la plupart des études exploitant les registres de kennel clubs. Cependant, les portées où tous les chiots étaient morts à la naissance n'étaient pas déclarées, ce qui peut avoir modifié légèrement les résultats de Tonnessen et al. Une étude australienne utilise les résultats d'une enquête menée auprès d'éleveurs sur 500 portées de 44 races, et rapporte également une taille de portée moyenne de 5,1 chiots. Pour ces trois études, le nombre de chiots morts et donc la taille de portée ont pu être sous-estimés à cause d'une sous-déclaration par les éleveurs. Néanmoins, compte tenu de l'influence majeure de la race sur la prolificité, la comparaison de la moyenne sur une population n'a pas beaucoup de sens, puisqu'elle est biaisée par la composition raciale de la population.

Notre étude a mis en évidence un effet du format racial, de l'âge de la chienne, de celui du mâle et de la provenance du mâle sur la taille de la portée. Elle a aussi détecté une interaction entre le format racial et la provenance du mâle.

Concernant le format racial, les races Giant et les Maxi ont une prolificité plus importante que les races Medium, qui ont eux-mêmes une prolificité plus importante que les races Mini, avec une médiane de taille de portée de 7 chiots pour les deux premiers formats contre 6 et 4 chiots respectivement pour les Medium et les Mini. L'étude de Tonnessen montre que le format racial et la taille de portée moyenne sont corrélés positivement, à l'instar d'études précédentes [231, 232].

*Tableau 14. Tailles de portée moyennes obtenues comparées à la littérature*

<b>Format racial</b>	<b>Notre étude</b>	<b>Tonnessen et al.</b>	<b>Gill</b>
Mini	4,3	4,2	4,0
Medium	6,1	5,7	6,1
Large/Maxi	7,2	6,9	6,8
Giant	7,4	7,1	8,4

La taille relative du fœtus par rapport à la chienne est plus importante chez les petites races que chez les grandes. Ainsi une grande chienne peut-elle donner naissance à plus de chiots qu'une petite. A partir d'une certaine taille cependant, l'augmentation de la taille de



portée n'est plus aussi marquée, ce qui peut s'expliquer par l'espace limité de l'utérus et le nombre de mamelles limité [211]. Ceci peut expliquer les tailles de portées proches pour les formats Large et Giant.

L'âge de la mère est un autre facteur ayant ici un effet sur la taille de la portée, comme dans plusieurs autres études [204], notamment celle de Borge et al. [211]. D'après notre analyse, les chiennes âgées de 2 à 6 ans seraient plus prolifiques que les autres. Nos données montrent une taille de portée médiane comptant un chiot de moins pour les portées issues des chiennes les plus jeunes et les plus âgées (moins d'1 an et 8 ans) par rapport aux autres. Gill obtient également les tailles de portée les plus élevées entre 2 et 6 ans inclus [182]. La taille de portée réduite chez les très jeunes chiennes peut s'expliquer par une probabilité de résorption fœtale. L'auteur évoque la possibilité d'une compétition accrue entre les fœtus liée à l'espace utérin réduit, et celle d'anomalies génétiques plus fréquentes dans les oocytes de jeunes animaux. Des modifications utérines dues à une imprégnation hormonale répétée ou d'autres changements de l'appareil génital liés à l'âge pourraient expliquer une dégradation de la taille de portée chez les chiennes les plus âgées, de même qu'une moindre qualité ovocytaire. Dans l'étude de Borge et al., sur l'ensemble de la population, l'âge de la mère a peu d'influence sur la taille de la portée. Elle semble légèrement diminuée pour les chiennes de moins de 2 ans et encore moins pour celles de 7 ans et plus. Cependant, l'étude de Borge et al. regroupe ensemble toutes les femelles de moins de 2 ans, ce qui peut masquer une différence significative entre la première et la deuxième année. De même, l'étude de Gill ne comporte que 2 chiennes ayant mis bas avant 1 an. Dans notre étude, la taille de portée moyenne est maximale chez les chiennes de 2 ans puis décroît progressivement avec l'âge de l'animal, ce qui concorde avec les résultats de Gill [182]. L'âge à partir duquel la taille de portée décroît varie selon les études et semble dépendre de la race : 3 ans le Berger Hongrois [252], 3 ans dans une étude sur le Beagle [251], 5 ans chez le Drever [204]. Il faut cependant garder à l'esprit que les effectifs diminuent avec l'âge de la mère, et que les éleveurs introduisent probablement un biais de sélection en ne conservant après un certain âge que les bonnes reproductrices. Ces pratiques pourraient marquer un effet de l'âge plus important et, compte tenu de l'influence de la génétique sur la taille de la portée, expliquent en partie les tailles de portées parfois plus élevées chez des animaux plus âgés. Dans leur étude, Borge et al. décrivent une interaction entre l'âge de la mère et le format racial. Ainsi, pour les petits formats, les mères les plus jeunes et les plus âgées produisent des portées plus petites. Par contre, pour les grands formats, Borge et al. observent seulement une baisse de la taille de portée avec l'âge. D'après son modèle, la taille de portée commence à diminuer vers 3 ans pour le format Medium, et au plus tard vers 2 ans pour les Maxi et les Giant. Gill ne décrit les tailles de portées moyennes que pour les formats Toy et Maxi, et ne constate pas de relation entre l'âge de la mère et la taille de portée [182]. On peut aussi penser que l'âge de la chienne est lié à sa parité, ce qui pourrait être un des facteurs influençant la taille de portée. En effet, Gill suggère que la taille de portée diminue lorsque la parité augmente, mais n'a pas testé la relation entre l'âge de la chienne et sa parité. Cependant, la corrélation reste probablement positive. Dans son étude sur le Drever, Gavrilovic et al. obtiennent une portée de taille maximale à la deuxième portée. Borge et al. n'observent pas de relation entre la parité et la portée une fois l'âge de la femelle pris en compte [211]. D'autres auteurs ne trouvent pas de relation entre la parité et la taille de la portée. Dans notre étude, nous ne disposons pas de l'information sur la parité.

Notre étude trouve aussi un effet de l'âge du mâle sur la prolificité. D'après notre analyse, les mâles de plus de 6 ans produiraient les portées les plus grandes. Cet effet est pourtant discret si l'on observe les médianes et les moyennes. Les pères de moins d'1 an produisent des portées d'1 chiot de moins que celles des pères plus âgés si l'on observe les médianes. Thomassen et al. montrent pourtant une qualité de la semence réduite chez les

chiens à partir de 8 ans. Dans son étude, la taille de la portée n'a cependant pas été influencée par l'âge du mâle. Une autre étude montre que la qualité de la semence n'aurait pas d'effet sur la taille de la portée [235]. L'effet de l'âge du mâle n'a pas été aussi exploré que l'âge de la mère, en particulier par Borge et al. ni Gill.

La provenance du mâle aurait aussi un effet sur la taille de la portée. On observe en effet, une moyenne légèrement plus élevée lorsque le mâle provient de l'extérieur. Cependant, la médiane reste la même. Peut-être que l'arrivée d'un nouveau mâle pourrait stimuler davantage la chienne et augmenter ainsi le nombre d'ovulations. On peut aussi envisager que des chiens du même élevage soient de plus proches parents que deux chiens provenant d'élevages différents. Une étude montre que la taille de la portée diminue avec la consanguinité de la mère [233], et l'on pourrait envisager que la même chose soit vraie pour le père. De plus, on observe une interaction entre le format racial et la provenance du mâle. En effet, pour les formats Giant et Medium, l'effet de la provenance du mâle était plus visible, la médiane de la taille de portée comptant 1 chiot supplémentaire pour un mâle venant de l'extérieur de l'élevage. La provenance du mâle est un facteur qui n'est pas exploré dans la littérature, et son étude pourrait révéler des facteurs influençant la taille de la portée restés jusque là inconnus.

La saison de saillie n'a pas eu ici d'effet sur la taille de la portée. Les médianes et les moyennes ne montrent pas de différence. L'influence de la saison sur la taille de portée est cependant discutée. Tonnessen et al. obtiennent une taille de portée plus importante au printemps et réduite pendant l'hiver. Cependant, une fois l'influence de la race, de l'âge et de la taille prises en compte, la saison ne ressortait pas comme un facteur ayant un effet sur la taille de portée. Les auteurs pensent que la durée de leur étude a peut-être été trop courte (2 ans) pour pouvoir mettre en évidence une saisonnalité. Gavrilovic et al. rapportent que les plus grandes portées d'un élevage privé de Drever suivi pendant 12 ans sont nées au printemps. Une étude mexicaine rapporte des ovulations plus nombreuses durant la saison chaude et humide [227]. Une autre étude rapporte un nombre plus important d'oocytes et de corps jaunes au printemps [236]. On peut aussi penser que le nombre de résorptions fœtales serait moindre à certaines saisons [237]. Cependant, d'autres études rapportent une absence d'effet de la saison sur la taille de la portée [207, 225, 238].

D'autres facteurs influenceraient la taille de la portée, comme la détermination du moment optimal où mettre la chienne en contact avec le mâle [234], le nombre de saillies ou inséminations [204], la méthode de fécondation [211] ou la santé de la chienne.

## **IV. MORTALITE DES CHIOTS**

Nous avons étudié séparément la mortinatalité (chiots morts dès la mise-bas), la mortalité post-natale (chiots nés vivants mais morts par la suite) et la mortalité totale, qui comprend la mortinatalité et la mortalité post-natale. Les analyses statistiques ont été réalisées au niveau de la portée seulement.

La littérature parle souvent de mortalité périnatale, qui comprend la mortinatalité et la mortalité néonatale, généralement jusqu'à 28 jours. Les causes principales de mortalité périnatale comprennent l'asphyxie fœtale, où le chiot sain souffre d'hypoxie notamment au cours d'une dystocie, les infections bactériennes, et le « fading puppy syndrome » dont l'étiologie est encore mal connue. Gill rapporte aussi en particulier l'importance d'anomalies

congénitales, de chiots prématurés, d'un défaut de nursing de la part de la mère ou de l'éleveur [182].

Dans notre étude, le taux de mortalité totale était de 13,4%, soit 7,4% de mortinatalité et 6,1% de mortalité post-natale. Gill rapporte un taux de mortinatalité de 7,0% voisin du nôtre, et 11,5% de mortalité néonatale, pour une mortalité périnatale de 18,5%. Une étude britannique portant sur 2 711 chiots de 111 races différentes décrit aussi un taux de mortinatalité proche, de 6,5%, et une mortalité néonatale et totale plus élevées, de respectivement 19,8% et 26,3% [240]. Tonnessen et al. rapportent un taux de mortalité totale de seulement 8,0%, avec 4,3% de mortinatalité et 3,7% de mortalité néonatale. Dans son étude, la mortalité a probablement été sous-estimée du fait de la sous-déclaration, en particulier pour les mort-nés. Cet écart pourrait aussi révéler une différence de performance entre la Norvège et d'autres pays, attribuable par exemple à des pratiques d'élevage différentes [183].

Pour la mortalité post-natale (6,5% sur la population), nous avons choisi de considérer pour la taille de portée le nombre de chiots nés vivants, excluant ainsi les mort-nés. Nos résultats de mortalité post-natale sont donc plus élevés que ceux calculés avec la taille de la portée totale.

Pourtant, lorsque l'on compare notre taux de mortalité post-natale avec les taux de mortalité néonatale de la littérature, nous obtenons un résultat inférieur à celui de Gill. Il est néanmoins supérieur à celui de Tonnessen et al. [183]. Tonnessen et al. rapportent aussi 9,0% de mortalité de la naissance à 8 semaines d'âge. Ce chiffre pourrait par contre inclure des chiots mort-nés, auquel cas il faudrait plutôt considérer 4,7% pour comparer nos chiffres. Bien que l'enregistrement des chiots par les éleveurs soit gratuit dans notre étude, on ne peut pas exclure une sous-déclaration des chiots morts, puisque ceux-ci n'avaient plus d'intérêt à être gérés par le logiciel. Il est aussi possible que le taux de mortalité post-natale soit plus bas en France que dans d'autres pays.

D'après nos analyses statistiques, de nombreux facteurs ont un effet sur la mortinatalité et la mortalité totale au sein d'une portée. Tout d'abord, le format racial. La littérature rapporte des taux de mortinatalité variables selon la race, allant de 2,2% chez le Foxhound [184] à 7,2% chez le Berger Allemand [239]. Les races de chiens ont des caractéristiques morphologiques, physiologiques et génétiques très variables susceptibles d'influencer la mortalité des chiots. Les pratiques d'élevage peuvent aussi différer d'une race à l'autre, comme l'euthanasie pour défaut au standard [183]. Tonnessen et al. rapportent à la fois un effet de la race et du format racial sur la mortinatalité. En effet, on observe beaucoup plus de portées avec mortinatalité chez les Giant, puis chez les Maxi, que devant les Medium et les Mini, avec environ 5% de différence à chaque fois. Tonnessen et al. constatent aussi une mortalité périnatale accrue chez les Maxi et les Giant, et suggèrent que la taille et le poids importants de la mère augmenteraient le risque de trauma pendant et après la naissance [183]. De plus, ces races ont généralement de grandes portées, dont nous détaillerons l'effet ci-après.

Nous avons pondéré la taille de portée par le format racial, et le facteur ainsi obtenu a également un effet sur la mortinatalité, la mortalité post-natale et la mortalité totale d'une portée. D'après notre analyse univariée, le risque de mortinatalité et de mortalité totale au sein de la portée grandirait avec la taille de la portée. En effet, les grandes portées nécessitent des mise-bas plus longues, ce qui augmente le risque d'hypoxie et donc de mortalité [182, 183]. Gill montre aussi que le poids de naissance du chiot est un bon facteur prédictif de mortalité [182, 248]. Les chiots les plus légers ont en effet un risque accru de présenter une anomalie congénitale, une détresse fœtale ou un fading puppy syndrome [182]. Concernant la mortalité

post-natale, ces chiots sont aussi plus sensibles à l'hypothermie et moins susceptibles d'accéder au lait en situation de compétition. Or, les portées plus nombreuses sont souvent constituées de chiots plus petits et plus légers, puisque l'espace utérin est limité, et sont donc plus à risque. A l'inverse, les portées ne comportant qu'un seul chiot ont aussi un risque de mortalité élevé et sont considérées comme étant à risque, à cause d'une sécrétion d'ACTH et de cortisol insuffisante pour déclencher la parturition [241], voire de dimensions trop importantes [182].

L'âge de la mère n'est pas ressorti comme un facteur ayant un effet sur la mortalité des chiots. Comme dans l'étude de Gill [182], pour Tonnessen et al. [183], l'âge de la mère a un effet significatif et le risque de mortalité des chiots croît avec cet âge. Les chiennes de plus de 6 ans auraient plus de portées à chiot unique et des mise-bas plus longues. Nous n'avons pas étudié l'effet de la parité mais celui-ci est lié à l'âge de la mère. Les études de Tonnessen et al. [183] et de Gill [182] déterminent toutes deux un effet de la parité sur la mortalité des chiots. Cependant, le risque évolue en sens contraire dans les deux études.

Cependant, dans notre étude, l'âge du mâle a un effet sur la mortinatalité et la mortalité totale. D'après notre analyse, les portées issues de pères de plus de 6 ans seraient moins touchées par la mortinatalité et la mortalité totale. Au contraire, les portées issues des mâles les plus jeunes (moins de 2 ans) seraient les plus à risque. On observe pourtant un pic de mortinatalité pour les pères de 9 ans. Aucune donnée n'est disponible dans la littérature.

Dans notre étude, la saison de mise-bas n'est pas ressortie comme un facteur influençant la mortalité par portée. La littérature n'est pas unanime quant à cet effet de la saison sur la mortalité des chiots. L'analyse multivariée de Tonnessen et al. [183] ne montre pas d'effet de la saison de mise-bas sur la mortalité périnatale. Les auteurs suspectent la durée de leur étude (2 ans) d'être insuffisante pour pouvoir montrer une saisonnalité. Gill rapporte un nombre plus important de morts néonatales précoces (c'est-à-dire au cours de la première semaine de vie) en hiver ainsi qu'un nombre plus élevé de morts néonatales tardives (à 2 et 3 semaines d'âge) au printemps. Dans l'étude de Gill [182], les chiens sont élevés à l'intérieur en hiver, et les températures sont contrôlées. Aussi l'auteur suspecte-t-elle plutôt une mauvaise régulation de l'environnement par l'éleveur. Quant aux mortalités néonatales tardives, elles étaient dues à des parvovirus et des herpèsvirus. Une autre étude observe une mortalité néonatale plus élevée en hiver mais pas d'effet sur la mortinatalité [238].

Le sex ratio est également apparu comme ayant un effet important sur la mortinatalité et la mortalité totale d'une portée. Les portées comportant plus de femelles que de mâles seraient les moins touchées. Si beaucoup d'études ont essayé de déterminer des facteurs ayant une influence sur le sex ratio, celui-ci a peu été étudié comme facteur ayant un effet sur la mortalité des chiots. Gill rapporte néanmoins que le sexe des chiots n'était pas un prédicteur significatif de mortalité dans son étude. Dans l'espèce bovine, l'effet du sexe du petit sur la mortalité périnatale a été décrit [242] et principalement attribué à un poids de naissance plus élevé chez les mâles qui favoriserait les dystocies, l'une des causes majeures de mortalité périnatale chez le veau. Cependant, ces conclusions ne paraissent pas applicables à l'espèce canine, à part dans les cas de portée comportant seulement 1 ou 2 chiots.

Enfin, notre analyse statistique révèle un effet de la provenance du mâle sur la mortalité post-natale, qui n'est cependant pas confirmé par l'analyse univariée. On pourrait néanmoins envisager une influence néfaste d'un coefficient de parenté plus élevé entre les deux parents. En effet, une étude a montré que la mortalité néonatale était accrue pour un coefficient de consanguinité élevé [243]. Une autre étude a montré que la consanguinité avait un effet négatif sur la survie à 2 ans et la longévité [233].

Certaines données manquaient à notre étude. Tout comme Tonnessen et al. [183], nous ne savons pas dans quelle mesure des chiots ont pu être euthanasiés peu après la naissance, à cause d'anomalies congénitales ou de défauts par rapport au standard. Dans l'étude de Gill [182], l'ensemble de ces chiots représentait 4,5%, dont plus de 90% sont morts ou ont été euthanasiés moins de 48h après la naissance. Cette proportion de chiots varie selon la race.



# CONCLUSION

A la connaissance de l'auteur, cette étude est la première à décrire les performances de reproduction de l'élevage canin en France à grande échelle. Les données obtenues sur la fertilité ainsi que la mortalité des chiots en élevage permettent d'envisager les résultats à la fois à l'échelle de l'espèce canine mais aussi pour de nombreuses races différentes, et ce grâce à l'importance de l'effectif étudié.

Le grand nombre d'individus pris en compte permet aussi d'étudier l'effet de différents facteurs sur les performances de reproduction. Ainsi, notre étude apporte des éléments en faveur de l'importance du format racial, de l'âge des parents, de la taille de la portée, de la saison ou de la provenance du mâle sur la gestation, l'avortement, la mise-bas et sur la mortalité des chiots. Notre effectif est par contre tellement important que le modèle statistique de notre étude montre des différences significatives entre des valeurs proches, sans signification pratique à l'échelle d'un élevage. Ces résultats doivent donc être remis en perspective selon la taille de l'élevage considéré pour pouvoir observer une différence à l'échelle humaine. Cependant, la mise en évidence de l'importance de certains facteurs ouvre la porte à de nouvelles questions. En particulier, l'influence de la provenance du mâle, si elle confirmée par d'autres travaux, serait intéressante à explorer.

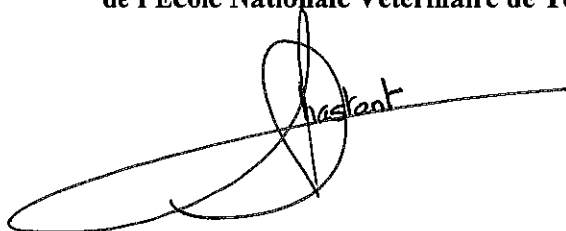
Si le logiciel qui a permis l'acquisition de nos données continue à être utilisé, on pourrait envisager de suivre l'évolution des performances de reproduction canine dans le temps. En permettant aux éleveurs de renseigner de nouvelles informations, il serait ainsi possible d'étudier les effets de la sélection sur les performances de reproduction mais aussi sur le standard de chaque race, dans une perspective à la fois scientifique, économique et éthique.

# AGREMENT SCIENTIFIQUE

**En vue de l'obtention du permis d'imprimer de la thèse de doctorat vétérinaire**

Je soussignée, **Sylvie CHASTANT**, Enseignant-chercheur, de l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, directeur de thèse, certifie avoir examiné la thèse de **GUILLEMOT Clémence** intitulée « *Performances de reproduction de l'élevage canin en France.* » et que cette dernière peut être imprimée en vue de sa soutenance.

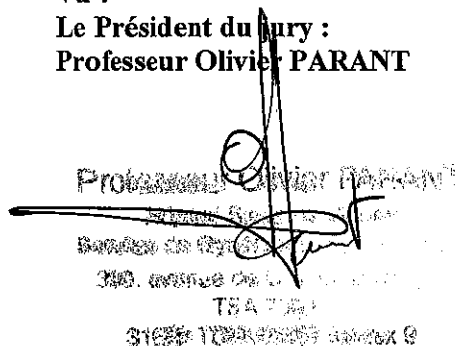
Fait à Toulouse, le 18 septembre 2015  
Professeure Sylvie CHASTANT  
Enseignant chercheur  
de l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse



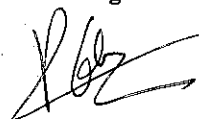
Vu :  
La Directrice de l'Ecole Nationale  
Vétérinaire de Toulouse  
Isabelle CHAMBERLAIN



Vu :  
Le Président du jury :  
Professeur Olivier PARANT



Vu et autorisation de l'impression :  
Le Président de l'Université  
Paul Sabatier  
Professeur Bertrand MONTHUBERT  
Par délégation, la Vice-Présidente du CEVU  
Madame Régine ANDRÉ OBRECHT



**Melle Clémence GUILLEMOT**  
a été admis(e) sur concours en : 2010  
a obtenu son diplôme d'études fondamentales vétérinaires le : 26/06/2014  
a validé son année d'approfondissement le : 28/05/2015  
n'a plus aucun stage, ni enseignement optionnel à valider.



# BIBLIOGRAPHIE

- [1] THRUSFIELD, Michael. *Veterinary epidemiology*. Elsevier, 2013. Chapitre 1 : Le développement de la médecine vétérinaire (p 1 à 10).
- [2] O'NEILL, D., CHURCH, D., MCGREEVY, P., *et al.* Approaches to Canine health surveillance. *Genet Epidemiol Canine*, 2014, vol. 1, no 2.
- [3] COTTLE, Mike, KANWAL, S., KOHN, M., *et al.* Transforming health care through big data. Strategies for leveraging big data in the health care industry. New York. Institute for Health Technology Transformation. 2013. <http://ihealthtran.com/wordpress/2013/03/iht%C2%B2-releases-big-data-research-report-download-today/> (consulté le 04/05/15).
- [4] NSF. Core Techniques and Technologies for Advancing Big Data Science and Engineering (BIGDATA). <http://www.nsf.gov/pubs/2012/nsf12499/nsf12499.pdf> (consulté le 05/05/15).
- [5] IBM. Big Data at the speed of business. <http://www-01.ibm.com/software/data/bigdata/> (consulté le 05/05/15).
- [6] ARTHUR, C. The Guardian. 29/06/11. <http://www.theguardian.com/technology/blog/2011/jun/29/zettabyte-data-internet-cisco> (consulté le 04/05/15).
- [7] RAGHUPATHI, Wullianallur et RAGHUPATHI, Viju. Big data analytics in healthcare: promise and potential. *Health Information Science and Systems*, 2014, vol. 2, no 1, p. 3.
- [8] IBM, Data Driven Healthcare Organizations Use Big Data Analytics for Big Gains, 2013. [http://www03.ibm.com/industries/ca/en/healthcare/documents/Data\\_driven\\_healthcare\\_organizations\\_use\\_big\\_data\\_analytics\\_for\\_big\\_gains.pdf](http://www03.ibm.com/industries/ca/en/healthcare/documents/Data_driven_healthcare_organizations_use_big_data_analytics_for_big_gains.pdf) (consulté le 04/05/15).
- [9] GRANDJEAN D., HAYMANN F, (2010), Encyclopédie du chien Royal Canin, 1<sup>e</sup> édition. Torino : Royal Canin. 1003p.
- [10] HOUE, Hans, EGENVALL, Agneta, VIRTALA, Anna-Maija, *et al.* Databases in veterinary medicine—validation, harmonisation and application: introduction. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2011, vol. 53, no 1, p. 1-1.
- [11] NIELSEN, A. Data warehouse for assessing animal health, welfare, risk management and-communication. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2011, vol. 53, no Supplementary 1, p. S3.
- [12] Royal Veterinary College. VetCompass. <http://www.rvc.ac.uk/vetcompass/about> (consulté le 04/06/15).
- [13] Royal Veterinary College. VetCompass. <http://www.rvc.ac.uk/vetcompass/learn-zone> (consulté le 04/06/15).

- [14] MATTIN, M. J., BOSWOOD, A., CHURCH, D. B., *et al.* Degenerative mitral valve disease: Survival of dogs attending primary-care practice in England. *Preventive Veterinary Medicine*, 2015.
- [15] MATTIN, M. J., BOSWOOD, A., CHURCH, D. B., *et al.* Prevalence of and Risk Factors for Degenerative Mitral Valve Disease in Dogs Attending Primary-care Veterinary Practices in England. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 2015, vol. 29, no 3, p. 847-854.
- [16] SHOOP, Stephanie JW, MARLOW, Stephanie, CHURCH, David B., *et al.* Prevalence and risk factors for mast cell tumours in dogs in England. *Canine Genetics and Epidemiology*, 2015, vol. 2, no 1, p. 1-10.
- [17] O'NEILL, D., HENDRICKS, A., SUMMERS, J., *et al.* Primary care veterinary usage of systemic glucocorticoids in cats and dogs in three UK practices. *Journal of Small Animal Practice*, 2012, vol. 53, no 4, p. 217-222.
- [18] O'NEILL, D. G., CHURCH, D. B., MCGREEVY, P. D., *et al.* Longevity and mortality of owned dogs in England. *The Veterinary Journal*, 2013, vol. 198, no 3, p. 638-643.
- [19] O'NEILL, D. G., ELLIOTT, J., CHURCH, D. B., *et al.* Chronic kidney disease in dogs in UK veterinary practices: prevalence, risk factors, and survival. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 2013, vol. 27, no 4, p. 814-821.
- [20] KEARSLEY-FLEET, L., O'NEILL, D. G., VOLK, H. A., *et al.* Prevalence and risk factors for canine epilepsy of unknown origin in the UK. *Veterinary Record*, 2013, vol. 172, no 13, p. 338.
- [21] SUMMERS, Jennifer F., HENDRICKS, Anke, et BRODBELT, David C. Prescribing practices of primary-care veterinary practitioners in dogs diagnosed with bacterial pyoderma. *BMC veterinary research*, 2014, vol. 10, no 1, p. 240.
- [22] MATTIN, M., O'NEILL, D., CHURCH, D., *et al.* An epidemiological study of diabetes mellitus in dogs attending first opinion practice in the UK. *The Veterinary record*, 2014, vol. 174, no 14, p. 349-349.
- [23] Banfield Pet Hospital. State of Pet Health 2014 Report. [http://www.stateofpethealth.com/Content/pdf/Banfield-State-of-Pet-Health-Report\\_2014.pdf](http://www.stateofpethealth.com/Content/pdf/Banfield-State-of-Pet-Health-Report_2014.pdf) (consulté le 10/06/15).
- [24] Banfield Pet Hospital. <http://www.banfield.com/veterinary-professionals/resources/research/white-papers> (consulté le 10/06/15).
- [25] GLICKMAN, L. et GLICKMAN, N. The National Companion Animal Surveillance System NCASP. *Purdue University*, 2012. <http://www.slideserve.com/noleta/the-national-companion-animal-surveillance-system-ncasp-a-supercourse-lecture>
- [26] GLICKMAN, Larry T., MOORE, George E., GLICKMAN, Nita W., *et al.* Purdue University-Banfield national companion animal surveillance program for emerging and zoonotic diseases. *Vector-Borne & Zoonotic Diseases*, 2006, vol. 6, no 1, p. 14-23.

- [27] MOORE, George E., GUPTILL, Lynn F., WARD, Michael P., *et al.* Adverse events diagnosed within three days of vaccine administration in dogs. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2005, vol. 227, no 7, p. 1102-1108.
- [28] MOORE, George E., WARD, Michael P., KULLDORFF, Martin, *et al.* A space-time cluster of adverse events associated with canine rabies vaccine. *Vaccine*, 2005, vol. 23, no 48, p. 5557-5562.
- [29] RAGHAVAN, Malathi, GLICKMAN, Nita, MOORE, George, *et al.* Prevalence of and risk factors for canine tick infestation in the United States, 2002-2004. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 2007, vol. 7, no 1, p. 65-75.
- [30] MACIEJEWSKI, Ross, GLICKMAN, Nita, MOORE, George, *et al.* Companion animals as sentinels for community exposure to industrial chemicals: the Fairburn, GA, propyl mercaptan case study. *Public Health Reports*, 2008, vol. 123, no 3, p. 333.
- [31] LANDELLE, C., VANHEMS, P., Site officiel de la Société Française d'Hygiène Hospitalière (SF2H). [http://www.sf2h.net/SF2H-outils/SF2H\\_methodo-noso\\_etudes-epidemiologiques.pdf](http://www.sf2h.net/SF2H-outils/SF2H_methodo-noso_etudes-epidemiologiques.pdf) (consulté le 23/05/15).
- [32] Royal Veterinary College. VetCompass. Infographies. <http://www.rvc.ac.uk/vetcompass/learn-zone/infographics/uk> (consulté le 04/06/15).
- [33] PUGH, C. A., BRONSVOORT, BM de C., HANDEL, I. G., *et al.* Dogslife: A cohort study of Labrador Retrievers in the UK. *Preventive veterinary medicine*, 2015.
- [34] COLLINS, Lisa M., ASHER, Lucy, SUMMERS, Jennifer, *et al.* Getting priorities straight: Risk assessment and decision-making in the improvement of inherited disorders in pedigree dogs. *The Veterinary Journal*, 2011, vol. 189, no 2, p. 147-154.
- [35] O'NEILL, D. G., CHURCH, D. B., MCGREEVY, P. D., *et al.* Prevalence of disorders recorded in cats attending primary-care veterinary practices in England. *The Veterinary Journal*, 2014, vol. 202, no 2, p. 286-291.
- [36] Royal Canin France. <http://www.royalcanin.fr/> (consulté le 13/05/15).
- [37] Royal Veterinary College. VetCompass. <http://www.rvc.ac.uk/vetcompass/projects/dogs-trust-canine-welfare-grant-project-evidence-based-prioritization-of-canine-inherited-diseases> (consulté le 04/06/15).
- [38] LUND, Elizabeth M., ARMSTRONG, P. Jane, KIRK, Claudia A., *et al.* Health status and population characteristics of dogs and cats examined at private veterinary practices in the United States. *JOURNAL-AMERICAN VETERINARY MEDICAL ASSOCIATION*, 1999, vol. 214, p. 1336-1341.
- [39] Cochrane. Rappel des études en épidémiologie. <http://tutoriel.fr.cochrane.org/sites/tutoriel.fr.cochrane.org/files/uploads/Rappel%20%C3%A9tudes%20%C3%A9pid%C3%A9miologiques.pdf> (consulté le 04/05/15).
- [40] PUGH, Carys A., DE C BRONSVOORT, Barend M., HANDEL, Ian G., *et al.* What can cohort studies in the dog tell us? *Canine Genetics and Epidemiology*, 2014, vol. 1, no 1, p. 5.

- [41] ARLT, S., DICTY, V., et HEUWIESER, W. Evidence-Based Medicine in Canine Reproduction: Quality of Current Available Literature. *Reproduction in domestic animals*, 2010, vol. 45, no 6, p. 1052-1058.
- [42] DOHOO, I., MARTIN, W., et STRYHN, H. Cohort studies. *Vet Epidemiol Res*, 2003, p. 167-180.
- [43] CLEMENTS, Dylan N., HANDEL, Ian G., ROSE, Erica, *et al.* Dogslife: a web-based longitudinal study of Labrador Retriever health in the UK. *BMC veterinary research*, 2013, vol. 9, no 1, p. 13.
- [44] SMITH, Besa, SMITH, Tyler C., GRAY, Gregory C., *et al.* When epidemiology meets the Internet: Web-based surveys in the Millennium Cohort Study. *American journal of epidemiology*, 2007, vol. 166, no 11, p. 1345-1354.
- [45] EKMAN, Alexandra, DICKMAN, Paul W., KLINT, Åsa, *et al.* Feasibility of using web-based questionnaires in large population-based epidemiological studies. *European journal of epidemiology*, 2006, vol. 21, no 2, p. 103-111.
- [46] GOBAR, G. M., CASE, J. T., et KASS, P. H. Program for surveillance of causes of death of dogs, using the Internet to survey small animal veterinarians. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 1998, vol. 213, no 2, p. 251-256.
- [47] GOLDING, J. Children of the nineties. A longitudinal study of pregnancy and childhood based on the population of Avon (ALSPAC). *West of England medical journal*, 1990, vol. 105, no 3, p. 80-82.
- [48] ELKS, Cathy E., LOOS, Ruth JF, SHARP, Stephen J., *et al.* Genetic markers of adult obesity risk are associated with greater early infancy weight gain and growth. 2010.
- [49] BARNETT, Jennifer H., HERON, Jon, RING, Susan M., *et al.* Gender-specific effects of the catechol-o-methyltransferase val 108/158 met polymorphism on cognitive function in children. *The American journal of psychiatry*, 2007, vol. 164, no 1, p. 142-149.
- [50] Dogslife. <http://www.dogslife.ac.uk> (consulté le 20/06/15).
- [51] COURTENAY, O., MACDONALD, D. W., LAINSON, R., *et al.* Epidemiology of canine leishmaniasis: a comparative serological study of dogs and foxes in Amazon Brazil. *Parasitology*, 1994, vol. 109, no 03, p. 273-279.
- [52] MOREIRA, EDSON D., DE SOUZA, VERENA MM, SREENIVASAN, Meera, *et al.* Peridomestic risk factors for canine leishmaniasis in urban dwellings: new findings from a prospective study in Brazil. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 2003, vol. 69, no 4, p. 393-397.
- [53] PARANHOS-SILVA, Moacir, NASCIMENTO, E. G., MELRO, M. C. B. F., *et al.* Cohort study on canine emigration and Leishmania infection in an endemic area for American visceral leishmaniasis. Implications for the disease control. *Acta tropica*, 1998, vol. 69, no 1, p. 75-83.

- [54] GRAMICCIA, Marina, DI MUCCIO, Trentina, FIORENTINO, Eleonora, *et al.* Longitudinal study on the detection of canine Leishmania infections by conjunctival swab analysis and correlation with entomological parameters. *Veterinary parasitology*, 2010, vol. 171, no 3, p. 223-228.
- [55] OLIVA, Gaetano, SCALONE, Aldo, MANZILLO, Valentina Foglia, *et al.* Incidence and time course of Leishmania infantum infections examined by parasitological, serologic, and nested-PCR techniques in a cohort of naive dogs exposed to three consecutive transmission seasons. *Journal of Clinical Microbiology*, 2006, vol. 44, no 4, p. 1318-1322.
- [56] OTRANTO, Domenico, TESTINI, Gabriella, DANTAS-TORRES, Filipe, *et al.* Diagnosis of canine vector-borne diseases in young dogs: a longitudinal study. *Journal of clinical microbiology*, 2010, vol. 48, no 9, p. 3316-3324.
- [57] QUINNELL, R. J., COURTENAY, O., GARCEZ, L. M., *et al.* IgG subclass responses in a longitudinal study of canine visceral leishmaniasis. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 2003, vol. 91, no 3, p. 161-168.
- [58] MOREIRA, Edson Duarte, DE SOUZA, Verena Maria Mendes, SREENIVASAN, Meera, *et al.* Assessment of an optimized dog-culling program in the dynamics of canine Leishmania transmission. *Veterinary parasitology*, 2004, vol. 122, no 4, p. 245-252.
- [59] INDREBØ, Astrid, TRANGERUD, Cathrine, et MOE, Lars. Canine neonatal mortality in four large breeds. *Acta Vet Scand*, 2007, vol. 49, no Suppl 1, p. S2.
- [60] KRONTVEIT, Randi I., NØDTVEDT, Ane, SÆVIK, Bente K., *et al.* A prospective study on canine hip dysplasia and growth in a cohort of four large breeds in Norway (1998–2001). *Preventive veterinary medicine*, 2010, vol. 97, no 3, p. 252-263.
- [61] SÆVIK, Bente K., SKANCKE, Ellen M., TRANGERUD, Cathrine, *et al.* A longitudinal study on diarrhoea and vomiting in young dogs of four large breeds. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2012, vol. 54, no 8.
- [62] VAYSSE, Amaury, RATNAKUMAR, Abhirami, DERRIEN, Thomas, *et al.* Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS Genet*, 2011, vol. 7, no 10, p. e1002316.
- [63] O'NEILL, Dan. VetCompass clinical data points the way forward. *Veterinary Ireland Journal*, 2012, vol. 2, no 7.
- [64] WARD, M. P. et KELMAN, M. Companion animal disease surveillance: a new solution to an old problem?. *Spatial and spatio-temporal epidemiology*, 2011, vol. 2, no 3, p. 147-157.
- [65] RESNIK, Philip, NIV, Michael, NOSSAL, Michael, *et al.* Communication of clinically relevant information in electronic health records: a comparison between structured data and unrestricted physician language. *Perspectives in Health Information Management*, 2008.
- [66] ZHOU, Bin. Keyword Search on Large-Scale Structured, Semi-Structured, and Unstructured Data. In : *Handbook of Data Intensive Computing*. Springer New York, 2011. p. 733-751.

- [67] MOORE, George E., FRANA, Timothy S., GUPTILL, Lynn F., *et al.* Postmarketing surveillance for dog and cat vaccines: new resources in changing times. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2005, vol. 227, no 7, p. 1066-1069.
- [68] The VeNom Coding Group. Veterinary Nomenclature. Edited by Group TVC, 2013. <http://www.venomcoding.org/VeNom/Welcome.html>, VeNom Coding Group (consulté le 24/06/15).
- [69] American Animal Hospital Association. AAHA Diagnostic Terms. 2013. <https://www.aahanet.org/Library/Diagnostic.aspx> (consulté le 24/06/15).
- [70] FAUNT, Karen, LUND, Elizabeth, et NOVAK, Will. The power of practice: harnessing patient outcomes for clinical decision making. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice*, 2007, vol. 37, no 3, p. 521-532.
- [71] EGENVALL, Agneta, BONNETT, Brenda N., OLSON, Pekka, *et al.* Validation of computerized Swedish dog and cat insurance data against veterinary practice records. *Preventive veterinary medicine*, 1998, vol. 36, no 1, p. 51-65.
- [72] LAM K., PARKIN T., RIGGS C., MORGAN K., Use of free text clinical records in identifying syndromes and analysing health data. *Veterinary Record*, 2007, 161:547–551.
- [73] LIAO, Katherine P., CAI, Tianxi, GAINER, Vivian, *et al.* Electronic medical records for discovery research in rheumatoid arthritis. *Arthritis care & research*, 2010, vol. 62, no 8, p. 1120-1127.
- [74] MELTON, Genevieve B. et HRIPCSAK, George. Automated detection of adverse events using natural language processing of discharge summaries. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 2005, vol. 12, no 4, p. 448-457.
- [75] CHAPMAN, Wendy W., CHRISTENSEN, Lee M., WAGNER, Michael M., *et al.* Classifying free-text triage chief complaints into syndromic categories with natural language processing. *Artificial intelligence in medicine*, 2005, vol. 33, no 1, p. 31-40.
- [76] WANG, Xiaoyan, CHASE, Herbert, MARKATOU, Marianthi, *et al.* Selecting information in electronic health records for knowledge acquisition. *Journal of biomedical informatics*, 2010, vol. 43, no 4, p. 595-601.
- [77] BROWN, Wendy J., BRYSON, Lois, BYLES, Julie E., *et al.* Women's Health Australia: recruitment for a national longitudinal cohort study. *Women & health*, 1999, vol. 28, no 1, p. 23-40.
- [78] BELLAZZI, Riccardo. Big data and biomedical informatics: a challenging opportunity. *Yearbook of medical informatics*, 2014, vol. 9, no 1, p. 8.
- [79] WELSH, S., HASSIOTIS, A., O'MAHONEY, G., *et al.* Big brother is watching you--the ethical implications of electronic surveillance measures in the elderly with dementia and in adults with learning difficulties. *Aging & mental health*, 2003, vol. 7, no 5, p. 372-375.
- [80] BERGEN, Donna C., BEGHI, Ettore, et MEDINA, Marco T. Revising the ICD-10 codes for epilepsy and seizures. *Epilepsia*, 2012, vol. 53, no s2, p. 3-5.

- [81] SØRENSEN, HENRIK TOFT, SABROE, Svend, et OLSEN, JØRN. A framework for evaluation of secondary data sources for epidemiological research. *International Journal of Epidemiology*, 1996, vol. 25, no 2, p. 435-442.
- [82] GREENHALL, J. E. Causes of insurance claims paid [Horses, diseases]. *Modern veterinary practice*, 1979.
- [83] EGENVALL, A., NØDTVEDT, A., PENELL, J., *et al.* Insurance data for research in companion animals: benefits and limitations. *Acta Vet Scand*, 2009, vol. 51, no 4.
- [84] BERGSTEN G., Breed-related disease statistics in a material of insured dogs [in Swedish]. *Sven Vet tidskr* 1978, 30:533-539.
- [85] BONNETT, B. N., EGENVALL, A., OLSON, P., *et al.* Mortality in insured Swedish dogs: rates and causes of death in various breeds. *The Veterinary Record*, 1997, vol. 141, no 2, p. 40-44.
- [86] EGENVALL A., BONNETT B.N., OLSON P., HEDHAMMAR Å. : Gender, age, breed and geographic pattern of morbidity and mortality in insured dogs during 1995 and 1996. *Veterinary Record*, 2000, 146:519-525.
- [87] EGENVALL, A., BONNETT, B. N., OLSON, P., *et al.* Gender, age and breed pattern of diagnoses for veterinary care in insured dogs in Sweden during 1996. *The Veterinary Record*, 2000, vol. 146, no 19, p. 551-557.
- [88] DOBSON, J. M., SAMUEL, S., MILSTEIN, H., *et al.* Canine neoplasia in the UK: estimates of incidence rates from a population of insured dogs. *Journal of small animal practice*, 2002, vol. 43, no 6, p. 240-246.
- [89] EDWARDS, D. S., HENLEY, W. E., HARDING, E. F., *et al.* Breed incidence of lymphoma in a UK population of insured dogs. *Veterinary and Comparative Oncology*, 2003, vol. 1, no 4, p. 200-206.
- [90] BONNETT, B. N., EGENVALL, Agneta, HEDHAMMAR, Å., *et al.* Mortality in over 350,000 insured Swedish dogs from 1995–2000: I. Breed-, gender-, age-and cause-specific rates. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2005, vol. 46, no 3, p. 105.
- [91] EGENVALL, Agneta, BONNETT, Brenda N., ÖHAGEN, Patrik, *et al.* Incidence of and survival after mammary tumors in a population of over 80,000 insured female dogs in Sweden from 1995 to 2002. *Preventive veterinary medicine*, 2005, vol. 69, no 1, p. 109-127.
- [92] EGENVALL, Agneta, NØDTVEDT, Ane, et VON EULER, Henrik. Bone tumors in a population of 400 000 insured Swedish dogs up to 10 y of age: incidence and survival. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 2007, vol. 71, no 4, p. 292.
- [93] EGENVALL, Agneta, BONNETT, Brenda N., SHOUKRI, Mohamed, *et al.* Age pattern of mortality in eight breeds of insured dogs in Sweden. *Preventive Veterinary Medicine*, 2000, vol. 46, no 1, p. 1-14.

- [94] NØDTVEDT, Ane, GUITIAN, Javier, EGENVALL, Agneta, *et al.* The spatial distribution of atopic dermatitis cases in a population of insured Swedish dogs. *Preventive veterinary medicine*, 2007, vol. 78, no 3, p. 210-222.
- [95] BERGSTRÖM, Annika, NØDTVEDT, Ane, LAGERSTEDT, ANNE-SOFIE, *et al.* Incidence and breed predilection for dystocia and risk factors for cesarean section in a Swedish population of insured dogs. *Veterinary Surgery*, 2006, vol. 35, no 8, p. 786-791.
- [96] EGENVALL, Agneta, HAGMAN, Ragnvi, BONNETT, Brenda N., *et al.* Breed risk of pyometra in insured dogs in Sweden. *Journal of veterinary internal medicine*, 2001, vol. 15, no 6, p. 530-538.
- [97] EGENVALL, A., BONNETT, B. N., HEDHAMMAR, Å., *et al.* Mortality in over 350,000 insured Swedish dogs from 1995–2000: II. Breed-specific age and survival patterns and relative risk for causes of death. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2005, vol. 46, no 3, p. 121.
- [98] DAVISON, L. J., HERRTAGE, M. E., *et* CATCHPOLE, B. Study of 253 dogs in the United Kingdom with diabetes mellitus. *Veterinary Record-English Edition*, 2005, vol. 156, no 15, p. 467-471.
- [99] EGENVALL, Agneta, BONNETT, Brenda N., *et* HÄGGSTRÖM, Jens. Heart disease as a cause of death in insured Swedish dogs younger than 10 years of age. *Journal of veterinary internal medicine*, 2006, vol. 20, no 4, p. 894-903.
- [100] NØDTVEDT, A., EGENVALL, A., BERGVALL, K., *et al.* Incidence of and risk factors for atopic dermatitis in a Swedish population of insured dogs. *The Veterinary record*, 2006, vol. 159, no 8, p. 241-246.
- [101] FALL, Tove, HAMLIN, Helene Hansson, HEDHAMMAR, Ake, *et al.* Diabetes mellitus in a population of 180,000 insured dogs: incidence, survival, and breed distribution. *Journal of veterinary internal medicine*, 2007, vol. 21, no 6, p. 1209.
- [102] Agria Pet Insurance: Agria Pet Insurance. Agria Pet Insurance; 2013. <http://www.agriapet.co.uk/>
- [103] EGENVALL, AGNETA, HEDHAMMAR, Å., BONNETT, B. N., *et al.* Survey of the Swedish dog population: age, gender, breed, location and enrollment in animal insurance. *Acta veterinaria scandinavica*, 1998, vol. 40, no 3, p. 231-240.
- [104] SALLANDER, M., HEDHAMMAR, A., RUNDGREN, M., *et al.* Demographic data of a population of insured Swedish dogs measured in a questionnaire study. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2001, vol. 42, no 1, p. 71-80.
- [105] BERGKNUT, Niklas, EGENVALL, Agneta, HAGMAN, Ragnvi, *et al.* Incidence of intervertebral disk degeneration–related diseases and associated mortality rates in dogs. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2012, vol. 240, no 11, p. 1300-1309.
- [106] BONNETT, B. N. *et* EGENVALL, A. Age patterns of disease and death in insured Swedish dogs, cats and horses. *Journal of comparative pathology*, 2010, vol. 142, p. S33-S38.



- [107] DIXON, S. Pet insurance, understanding the current state of play. *Veterinary Business Journal*, 2012, 116:6–9.
- [108] DE LA RIVA, Gretel Torres, HART, Benjamin L., FARVER, Thomas B., *et al.* Neutering dogs: effects on joint disorders and cancers in golden retrievers. *PloS one*, 2013, vol. 8, no 2, p. 1-7.
- [109] BARTLETT, Paul C., VAN BUREN, James W., NETERER, Margaret, *et al.* Disease surveillance and referral bias in the veterinary medical database. *Preventive veterinary medicine*, 2010, vol. 94, no 3, p. 264-271.
- [110] GREEN, Lawrence W. et GLASGOW, Russell E. Evaluating the relevance, generalization, and applicability of research issues in external validation and translation methodology. *Evaluation & the Health Professions*, 2006, vol. 29, no 1, p. 126-153.
- [111] VMDB: The Veterinary Medical Database. 2013. <http://www.vmdb.org/> (consulté le 23/05/15).
- [112] FLEMING, J. M., CREEVY, K. E., et PROMISLOW, D. E. L. Mortality in North American Dogs from 1984 to 2004: An Investigation into Age-, Size-, and Breed-Related Causes of Death. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 2011, vol. 25, no 2, p. 187-198.
- [113] WUCHERER, Katja L. et WILKE, Vicki. Thyroid cancer in dogs: an update based on 638 cases (1995–2005). *Journal of the American Animal Hospital Association*, 2010, vol. 46, no 4, p. 249-254.
- [114] BURKERT, Blaine A., KERWIN, Sharon C., HOSGOOD, Giselle L., *et al.* Signalment and clinical features of diskospondylitis in dogs: 513 cases (1980-2001). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2005, vol. 227, no 2, p. 268-275.
- [115] HAWKINS, Eleanor C., BASSECHES, Jessica, BERRY, Clifford R., *et al.* Demographic, clinical, and radiographic features of bronchiectasis in dogs: 316 cases (1988-2000). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2003, vol. 223, no 11, p. 1628-1635.
- [116] WARD, Michael P., GLICKMAN, Lawrence T., et GUPTILL, Lynn F. Prevalence of and risk factors for leptospirosis among dogs in the United States and Canada: 677 cases (1970-1998). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2002, vol. 220, no 1, p. 53-58.
- [117] RADFORD, A. D., NOBLE, P. J., COYNE, K. P., *et al.* Antibacterial prescribing patterns in small animal veterinary practice identified via SAVSNET: the small animal veterinary surveillance network. *Veterinary Record-English Edition*, 2011, vol. 169, no 12, p. 310.
- [118] PLANT, Jon D., LUND, Elizabeth M., et YANG, Mingyin. A case–control study of the risk factors for canine juvenile-onset generalized demodicosis in the USA. *Veterinary dermatology*, 2011, vol. 22, no 1, p. 95-99.

- [119] HOLMES, Mark A. et RAMEY, David W. An introduction to evidence-based veterinary medicine. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice*, 2007, vol. 23, no 2, p. 191-200.
- [120] CHASSIN, Mark R., GALVIN, Robert W., *et al.* The urgent need to improve health care quality: Institute of Medicine National Roundtable on Health Care Quality. *Jama*, 1998, vol. 280, no 11, p. 1000-1005.
- [121] ADAMS, Vicki J., WALDNER, Cheryl L., et CAMPBELL, John R. Analysis of a practice management computer software program for owner compliance with recall reminders. *The Canadian Veterinary Journal*, 2006, vol. 47, no 3, p. 234.
- [122] BATESON, Patrick. Independent inquiry into dog breeding. *Cambridge: University of Cambridge*, 2010.
- [123] NAKAGAWA, Shinichi et CUTHILL, Innes C. Effect size, confidence interval and statistical significance: a practical guide for biologists. *Biological Reviews*, 2007, vol. 82, no 4, p. 591-605.
- [124] SCHNEEWEISS, Sebastian et AVORN, Jerry. A review of uses of health care utilization databases for epidemiologic research on therapeutics. *Journal of clinical epidemiology*, 2005, vol. 58, no 4, p. 323-337.
- [125] DAVID, Michael, WARE, Robert, DONALD, Maria, *et al.* Assessing generalisability through the use of disease registers: findings from a diabetes cohort study. *BMJ open*, 2011, vol. 1, no 1, p. e000078.
- [126] ASHER, Lucy, BUCKLAND, Emma L., PHYLACTOPOULOS, C. Ianthi, *et al.* Estimation of the number and demographics of companion dogs in the UK. *BMC veterinary research*, 2011, vol. 7, no 1, p. 74.
- [127] SERAFINI, C. A. V., ROSA, G. A., GUIMARAES, A. M. S., *et al.* Survey of owned feline and canine populations in apartments from a neighbourhood in Curitiba, Brazil. *Zoonoses and public health*, 2008, vol. 55, no 8-10, p. 402-405.
- [128] WESTGARTH, C., PINCHBECK, G. L., BRADSHAW, J. W., *et al.* Factors associated with cat ownership in a community in the UK. *The Veterinary record*, 2010, vol. 166, no 12, p. 354-357.
- [129] TORIBIO, Jenny-Ann LM, NORRIS, Jacqueline M., WHITE, Joanna D., *et al.* Demographics and husbandry of pet cats living in Sydney, Australia: results of cross-sectional survey of pet ownership. *Journal of Feline Medicine and Surgery*, 2009, vol. 11, no 6, p. 449-461.
- [130] Pet Food Manufacturers' Association. <http://www.pfma.org.uk/pet-population-2008-2012/> (consulté le 10/05/15).
- [131] Chambre Syndicale des Fabricants d'Aliments Préparés pour Chiens, Chats, Oiseaux, et autres Animaux Familiers. <http://www.facco.fr/La-population-francaise-d-animaux> (consulté le 10/05/15).

- [132] Pet Food Institute. <http://www.petfoodinstitute.org/?page=PetPopulation> (consulté le 10/05/15).
- [133] The European Pet Food Industry. <http://www.fediaf.org/facts-figures/> (consulté le 10/05/15).
- [134] BALDOCK, F. C., ALEXANDER, L., et MORE, S. J. Estimated and predicted changes in the cat population of Australian households from 1979 to 2005. *Australian Veterinary Journal*, 2003, vol. 81, no 5, p. 289-292.
- [135] SLATER, Margaret R., DI NARDO, Antonio, PEDICONI, Ombretta, *et al.* Cat and dog ownership and management patterns in central Italy. *Preventive veterinary medicine*, 2008, vol. 85, no 3, p. 267-294.
- [136] DOWNES, Martin, CANTY, Mary J., et MORE, Simon J. Demography of the pet dog and cat population on the island of Ireland and human factors influencing pet ownership. *Preventive veterinary medicine*, 2009, vol. 92, no 1, p. 140-149.
- [137] LESLIE, Barbara E., MEEK, Alan H., KAWASH, George F., *et al.* An epidemiological investigation of pet ownership in Ontario. *The Canadian Veterinary Journal*, 1994, vol. 35, no 4, p. 218.
- [138] RAMON, M. E., SLATER, M. R., WARD, M. P., *et al.* Repeatability of a telephone questionnaire on cat-ownership patterns and pet-owner demographics evaluation in a community in Texas, USA. *Preventive veterinary medicine*, 2008, vol. 85, no 1, p. 23-33.
- [139] SALLANDER, Marie H., HEDHAMMAR, Åke, RUNDGREN, Margareta, *et al.* Repeatability and validity of a combined mail and telephone questionnaire on demographics, diet, exercise and health status in an insured-dog population. *Preventive veterinary medicine*, 2001, vol. 50, no 1, p. 35-51.
- [140] DOHOO, I. R., MARTIN, S. W., et STRYHN, H. Veterinary Epidemiologic Research. Charlottetown: VER. 2009.
- [141] ADAMS, V. J., EVANS, K. M., SAMPSON, J., *et al.* Methods and mortality results of a health survey of purebred dogs in the UK. *Journal of Small Animal Practice*, 2010, vol. 51, no 10, p. 512-524.
- [142] LEROY, G., VERRIER, E., WISNER-BOURGEOIS, C., *et al.* Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey. *Revue de Médecine Vétérinaire*, 2007, vol. 158, no 10, p. 496.
- [143] TOBIAS, Karen M. et ROHRBACH, Barton W. Association of breed with the diagnosis of congenital portosystemic shunts in dogs: 2,400 cases (1980-2002). *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2003, vol. 223, no 11, p. 1636-1639.
- [144] GELATT, Kirk N. et MACKAY, Edward O. Prevalence of the breed-related glaucomas in pure-bred dogs in North America. *Veterinary Ophthalmology*, 2004, vol. 7, no 2, p. 97-111.
- [145] PATRONEK, Gary J., WATERS, David J., et GLICKMAN, Lawrence T. Comparative longevity of pet dogs and humans: implications for gerontology research. *The Journals of*

*Gerontology Series A: Biological Sciences and Medical Sciences*, 1997, vol. 52, no 3, p. B171-B178.

[146] PRIESTER, W. A., SCHIRMER, R. G., et RINES, M. P. A one-year analysis of veterinary patients, diagnoses, and operations at Michigan State University. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 1966, vol. 148, no 6, p. 666.

[147] HAYES, Howard M., PRIESTER, William A., et PENDERGRASS, Thomas W. Occurrence of nervous-tissue tumors in cattle, horses, cats and dogs. *International Journal of Cancer*, 1975, vol. 15, no 1, p. 39-47.

[148] ASHER, Lucy, DIESEL, Gillian, SUMMERS, Jennifer F., *et al.* Inherited defects in pedigree dogs. Part 1: Disorders related to breed standards. *The Veterinary Journal*, 2009, vol. 182, no 3, p. 402-411.

[149] Société Centrale Canine. <http://www.scc.asso.fr/> (consulté le 25/05/15).

[150] Société Centrale Canine. Médiathèque.  
<http://scc.asso.fr/mediatheque/statistiques/Stats%202013.pdf> (consulté le 14/06/15).

[151] The Kennel Club. Statistiques de races.  
<http://www.thekennelclub.org.uk/registration/breed-registration-statistics/> (consulté le 14/06/15).

[152] The Kennel Club. <http://www.thekennelclub.org.uk/> (consulté le 14/06/15).

[153] LEROY, G., ROGNON, X., VARLET, A., *et al.* Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2006, vol. 123, no 1, p. 1-9.

[154] LEROY, G., VERRIER, E., MERIAUX, J. C., *et al.* Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Animal Genetics*, 2009, vol. 40, no 3, p. 323-332.

[155] LEROY, Grégoire et BAUMUNG, R. Mating practices and the dissemination of genetic disorders in domestic animals, based on the example of dog breeding. *Animal genetics*, 2011, vol. 42, no 1, p. 66-74.

[156] LEROY, Grégoire et ROGNON, Xavier. Assessing the impact of breeding strategies on inherited disorders and genetic diversity in dogs. *The Veterinary Journal*, 2012, vol. 194, no 3, p. 343-348.

[157] LEROY, Grégoire. Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: results from pedigree analyses. *The Veterinary Journal*, 2011, vol. 189, no 2, p. 177-182.

[158] KARJALAINEN, L. et OJALA, M. Generation intervals and inbreeding coefficients in the Finnish Hound and the Finnish Spitz. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 1997, vol. 114, no 1-6, p. 33-41.

- [159] MÄKI, K., GROEN, A. F., LIINAMO, A. E., *et al.* Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Animal Science*, 2001, vol. 73, no 2, p. 217-228.
- [160] NIELEN, A. L. J., VAN DER BEEK, S., UBBINK, G. J., *et al.* Epidemiology: Population parameters to compare dog breeds: Differences between five dutch purebred populations. *Veterinary Quarterly*, 2001, vol. 23, no 1, p. 43-49.
- [161] CALBOLI, Federico CF, SAMPSON, Jeff, FRETWELL, Neale, *et al.* Population structure and inbreeding from pedigree analysis of purebred dogs. *Genetics*, 2008, vol. 179, no 1, p. 593-601.
- [162] GŁAŻEWSKA, Iwona. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. *Livestock Science*, 2008, vol. 113, no 2, p. 296-301.
- [163] URFER, Silvan R., *et al.* Inbreeding and fertility in Irish Wolfhounds in Sweden: 1976 to 2007. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 2009, vol. 51, no 1, p. 21.
- [164] MÄKI, K. Population structure and genetic diversity of worldwide Nova Scotia Duck Tolling Retriever and Lancashire Heeler dog populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2010, vol. 127, no 4, p. 318-326.
- [165] VOGES, S. et DISTL, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2009, vol. 126, no 5, p. 357-365.
- [166] LEROY, Grégoire, MARY-HUARD, Tristan, VERRIER, Etienne, *et al.* Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genetics Selection Evolution*, 2013, vol. 45, no 1, p. 1-10.
- [167] I-CAD. Fichier National d'Identification des Carnivores Domestiques. <https://www.i-cad.fr/index.php> (consulté le 10/06/15).
- [168] Légifrance. Le service public de la diffusion du droit. <http://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000026269678&dateTexte=&categorieLien=id> (consulté le 02/06/15).
- [169] Alim'agri. Site du Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt. <http://agriculture.gouv.fr/identification> (consulté le 02/10/15).
- [170] SantéVet. <http://www.santevet.com/articles/identification-chiens-chats-et-furets-dependent-de-l-i-cad> (consulté le 01/10/15).
- [171] DENNIS, Ruth. Interpretation and use of BVA/KC hip scores in dogs. *In Practice*, 2012, vol. 34, no 4, p. 178.
- [172] WOOD, J. L. N., LAKHANI, K. H., et DENNIS, R. Heritability and epidemiology of canine hip-dysplasia score in flat-coated retrievers and Newfoundlands in the United Kingdom. *Preventive veterinary medicine*, 2000, vol. 46, no 2, p. 75-86.

- [173] WOOD, J. L. N., LAKHANI, K. H., et DENNIS, R. Heritability of canine hip-dysplasia score and its components in Gordon Setters. *Preventive veterinary medicine*, 2000, vol. 46, no 2, p. 87-97.
- [174] WOOD, J. L. N., LAKHANI, K. H., et ROGERS, K. Heritability and epidemiology of canine hip-dysplasia score and its components in Labrador retrievers in the United Kingdom. *Preventive veterinary medicine*, 2002, vol. 55, no 2, p. 95-108.
- [175] SAVSNET. <http://www.savsnet.co.uk/> (consulté le 12/06/15).
- [176] JONES, P. H., DAWSON, S., GASKELL, R. M., *et al.* Surveillance of diarrhoea in small animal practice through the Small Animal Veterinary Surveillance Network (SAVSNET). *The Veterinary Journal*, 2014, vol. 201, no 3, p. 412-418.
- [177] ROONEY, N. et SARGAN, D. Pedigree Dog Breeding in the UK; A Major Welfare Concern? Royal Society for the Prevention of Cruelty to Animals, Horsham, UK, 76 pp. 2009.
- [178] APGAW: A healthier future for pedigree dogs. London: The Associate Parliamentary Group for Animal Welfare; 2009
- [179] NIELEN, A. L., VAN DER GAAG, I., KNOL, B. W., *et al.* Investigation of mortality and pathological changes in a 14-month birth cohort of boxer puppies. *The Veterinary Record*, 1998, vol. 142, no 22, p. 602-606.
- [180] VAN DER BEEK, S., NIELEN, A. L., SCHUKKEN, Y. H., *et al.* Evaluation of genetic, common-litter, and within-litter effects on preweaning mortality in a birth cohort of puppies. *American journal of veterinary research*, 1999, vol. 60, no 9, p. 1106-1110.
- [181] HAGEN, Marjan AE van, DUCRO, Bart J., BROEK, Jan van den, *et al.* Life expectancy in a birth cohort of Boxers followed up from weaning to 10 years of age. *American journal of veterinary research*, 2005, vol. 66, no 9, p. 1646-1650.
- [182] GILL, Marilyn Ann, *et al.* (2001). Perinatal and late neonatal mortality in the dog. Thèse de doctorat d'Université, University of Sydney, Sydney, NSW, Australie, 190p.
- [183] TØNNESSEN, R., BORGE, K. Sverdrup, NØDTVEDT, A., *et al.* Canine perinatal mortality: a cohort study of 224 breeds. *Theriogenology*, 2012, vol. 77, no 9, p. 1788-1801.
- [184] POTKAY, STEPHEN et BACHER, JOHN D. Morbidity and mortality in a closed foxhound breeding colony. *Laboratory animal science*, 1977, vol. 27, no 1, p. 78-84.
- [185] IOANNIDIS, John PA. Why most published research findings are false. *Chance*, 2005, vol. 18, no 4, p. 40-47.
- [186] Livre Officiel des Origines Félines. [http://www.loof.asso.fr/stats/intro\\_stats.php#nais](http://www.loof.asso.fr/stats/intro_stats.php#nais) (consulté le 01/10/2015).
- [187] THOMASSEN, R., SANSON, G., KROGENAES, A., *et al.* Artificial insemination with frozen semen in dogs: a retrospective study of 10 years using a non-surgical approach. *Theriogenology*, 2006, vol. 66, no 6, p. 1645-1650.

- [188] GRUNDY, Sophie Alexandra, FELDMAN, Edward, et DAVIDSON, Autumn. Evaluation of infertility in the bitch. *Clinical techniques in small animal practice*, 2002, vol. 17, no 3, p. 108-115.
- [189] FONTBONNE, A. Infertility in bitches and queen: recent advances. *Rev Bras Reprod Anim, Belo Horizonte*, 2011, vol. 35, no 2, p. 202-209.
- [190] MÜNNICH, Andrea et KÜCHENMEISTER, Uwe. Dystocia in Numbers—Evidence-Based Parameters for Intervention in the Dog: Causes for Dystocia and Treatment Recommendations. *Reproduction in Domestic Animals*, 2009, vol. 44, no s2, p. 141-147.
- [191] ENGLAND, G. C. W., MOXON, R., et FREEMAN, S. L. Stimulation of Mating-Induced Uterine Contractions in the Bitch and Their Modification and Enhancement of Fertility by Prostatic Fluid. *Reproduction in Domestic Animals*, 2012, vol. 47, no s6, p. 1-5.
- [192] JOHNSON, C. A. Pregnancy management in the bitch. *Theriogenology*, 2008, vol. 70, no 9, p. 1412-1417.
- [193] UCHOA, Daniel Couto, DA SILVA, Ticiana Franco Pereira, CARDOSO, Janaína de Fátima Saraiva, *et al.* Favoring the birth of female puppies after artificial insemination using chilled semen diluted with powdered coconut water (ACP-106c). *Theriogenology*, 2012, vol. 77, no 9, p. 1959-1963.
- [194] HENDRIKSE, J. et ANTONISSE, H. W. [Evaluation of dog sperm]. *Tijdschrift voor diergeneeskunde*, 1984, vol. 109, no 5, p. 171-174.
- [195] RIJSSELAERE, Tom, MAES, Dominiek, HOFLACK, Geert, *et al.* Effect of Body Weight, Age and Breeding History on Canine Sperm Quality Parameters Measured by the Hamilton-Thorne Analyser. *Reproduction in domestic animals*, 2007, vol. 42, no 2, p. 143-148.
- [196] FRESHMAN, Joni L. Semen collection and evaluation. *Clinical techniques in small animal practice*, 2002, vol. 17, no 3, p. 104-107.
- [197] JAMES, R. W. et HEYWOOD, R. Age-related variations in the testes and prostate of beagle dogs. *Toxicology*, 1979, vol. 12, no 3, p. 273-279.
- [198] LOWSETH, L. A., GERLACH, R. F., GILLET, N. A., *et al.* Age-related changes in the prostate and testes of the beagle dog. *Veterinary Pathology Online*, 1990, vol. 27, no 5, p. 347-353.
- [199] PETERS, M. A., DE ROOIJ, D. G., TEERDS, K. J., *et al.* Spermatogenesis and testicular tumours in ageing dogs. *Journal of reproduction and fertility*, 2000, vol. 120, no 2, p. 443-452.
- [200] JOHNSTON, S. D., ROOT KUSTRITZ, M. V., et OLSEN, P. N. S. Semen collection, evaluation and preservation. *Canine and feline theriogenology*. WB Saunders, Philadelphia, 2001, p. 287-306.
- [201] SCHUBERT, C. L. et SEAGER, S. W. J. Semen collection and evaluation for the assessment of fertility parameters in the male Dalmation. *Canine practice (USA)*, 1991.

- [202] LANGE-CONSIGLIO, A., ANTONUCCI, N., MANES, S., *et al.* Morphometric characteristics and chromatin integrity of spermatozoa in three Italian dog breeds. *Journal of Small Animal Practice*, 2010, vol. 51, no 12, p. 624-627.
- [203] CONCANNON, Patrick W. Reproductive cycles of the domestic bitch. *Animal reproduction science*, 2011, vol. 124, no 3, p. 200-210.
- [204] GAVRILOVIC, B. Bobic, ANDERSSON, K., et FORSBERG, C. Linde. Reproductive patterns in the domestic dog—A retrospective study of the Drever breed. *Theriogenology*, 2008, vol. 70, no 5, p. 783-794.
- [205] CHRISTIE, D. W. et BELL, E. T. Some observations on the seasonal incidence and frequency of oestrus in breeding bitches in Britain. *Journal of Small Animal Practice*, 1971, vol. 12, no 3, p. 159-167.
- [206] CHATDARONG, K., TUMMARUK, P., SIRIVAIYAPONG, S., *et al.* Seasonal and breed effects on reproductive parameters in bitches in the tropics: a retrospective study. *Journal of small animal Practice*, 2007, vol. 48, no 8, p. 444-448.
- [207] TEDOR, J. B. et REIF, J. S. Natal patterns among registered dogs in the United States. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 1978, vol. 172, no 10, p. 1179-1185.
- [208] LINDE-FORSBERG, C. et WALLEN, A. Effects of whelping and season of the year on the interoestrous intervals in dogs. *Journal of Small Animal Practice*, 1992, vol. 33, no 2, p. 67-70.
- [209] SOKOLOWSKI, J. H., ZIMBELMAN, R. G., et GOYINGS, L. S. Canine reproduction: reproductive organs and related structures of the nonparous, parous, and postpartum bitch. *American journal of veterinary research*, 1973.
- [210] LINDE-FORSBERG, C. Artificial insemination in the dog: what can be learnt from results in the field. In : *Proceedings of the 28th World Congress of WSAVA*. 2003.
- [211] BERGE, Kaja Sverdrup, TØNNESSEN, Ragnhild, NØDTVEDT, Ane, *et al.* Litter size at birth in purebred dogs—A retrospective study of 224 breeds. *Theriogenology*, 2011, vol. 75, no 5, p. 911-919.
- [212] CONCANNON, Patrick W. Canine pregnancy and parturition. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice*, 1986, vol. 16, no 3, p. 453-475.
- [213] OKKENS, A. C., TEUNISSEN, J. M., VAN OSCH, W., *et al.* Influence of litter size and breed on the duration of gestation in dogs. *Journal of reproduction and fertility. Supplement*, 2000, vol. 57, p. 193-197.
- [214] EILTS, Bruce E., DAVIDSON, Autumn P., HOSGOOD, Giselle, *et al.* Factors affecting gestation duration in the bitch. *Theriogenology*, 2005, vol. 64, no 2, p. 242-251.
- [215] TSUTSUI, Toshihiko, HORI, Tatusya, KIRIHARA, Nobuyuki, *et al.* Relation between mating or ovulation and the duration of gestation in dogs. *Theriogenology*, 2006, vol. 66, no 6, p. 1706-1708.



- [216] CIRIT, Ümüt, BACINOGLU, Suleyman, CANGUL, I. Taci, *et al.* The effects of a low dose of cabergoline on induction of estrus and pregnancy rates in anestrus bitches. *Animal reproduction science*, 2007, vol. 101, no 1, p. 134-144.
- [217] FARSTAD, W. Bitch fertility after natural mating and after artificial insemination with fresh or frozen semen. *Journal of Small Animal Practice*, 1984, vol. 25, no 9, p. 561-565.
- [218] LINDE-FORSBERG, Catharina, HOLST, B. Ström, et GOVETTE, G. Comparison of fertility data from vaginal vs intrauterine insemination of frozen-thawed dog semen: a retrospective study. *Theriogenology*, 1999, vol. 52, no 1, p. 11-23.
- [219] LINDE-FORSBERG, Catharina et FORSBERG, M. Fertility in dogs in relation to semen quality and the time and site of insemination with fresh and frozen semen. *Journal of reproduction and fertility. Supplement*, 1988, vol. 39, p. 299-310.
- [220] VERSTEGEN, J., DHALIWAL, G., et VERSTEGEN-ONCLIN, K. Canine and feline pregnancy loss due to viral and non-infectious causes: a review. *Theriogenology*, 2008, vol. 70, no 3, p. 304-319.
- [221] ROMAGNOLI, S. Clinical approach to infertility in the bitch. In : *Veterinary Sciences Congress, Oeiras (Portugal), 10-12 Oct 2002*. SPCV, 2002.
- [222] TILLEY, Larry P. et SMITH JR, Francis WK (ed.). *Blackwell's five-minute Veterinary consult: canine and feline*. John Wiley & Sons, 2011. Chapitre *Abortion*.
- [223] SCHLAFER, D. H. Canine and feline abortion diagnostics. *Theriogenology*, 2008, vol. 70, no 3, p. 327-331.
- [224] POLAT, Bülent, ÇOLAK, Armağan, CENGİZ, Mehmet, *et al.* Breed, parity, and cycle season effects on life-time reproduction in bitches: A retrospective study. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 2015, p. 39.
- [225] MUTEMBEI, H. M., MUTIGA, E. R., et TSUMA, V. T. A retrospective study on some reproductive parameters of German shepherd bitches in Kenya: research communication. *Journal of the South African Veterinary Association*, 2000, vol. 71, no 2, p. 115-117.
- [226] ENGLAND, G. C. et ALLEN, W. E. Seminal characteristics and fertility in dogs. *Veterinary Record*, 1989, vol. 125, no 15, p. 399-399.
- [227] ORTEGA-PACHECO, A., SEGURA-CORREA, J. C., JIMENEZ-COELLO, M., *et al.* Reproductive patterns and reproductive pathologies of stray bitches in the tropics. *Theriogenology*, 2007, vol. 67, no 2, p. 382-390.
- [228] SEKONI, V. O. et GUSTAFSSON, B. K. Seasonal variations in the incidence of sperm morphological abnormalities in dairy bulls regularly used for artificial insemination. *British Veterinary Journal*, 1987, vol. 143, no 4, p. 312-317.
- [229] LINDE-FORSBERG, C. What can be learnt from 2500 Ai's in the dog. In : *98-th World Small Animal Veterinary Association Congress, Granada, Spain*. 2002.

- [230] WILDT, D. E., BAAS, E. J., CHAKRABORTY, P. K., *et al.* Influence of inbreeding on reproductive performance, ejaculate quality and testicular volume in the dog. *Theriogenology*, 1982, vol. 17, no 4, p. 445-452.
- [231] ROBINSON, R. Relationship between litter size and weight of dam in the dog. *Veterinary record*, 1973.
- [232] KIRKWOOD, JAMES K. The influence of size on the biology of the dog. *Journal of Small Animal Practice*, 1985, vol. 26, no 2, p. 97-110.
- [233] LEROY, Grégoire, PHOCAS, Florence, HEDAN, Benoit, *et al.* Inbreeding impact on litter size and survival in selected canine breeds. *The Veterinary Journal*, 2015, vol. 203, no 1, p. 74-78.
- [234] HOLST, P. A. et PHEMISTER, R. D. Onset of diestrus in the Beagle bitch: definition and significance. *American journal of veterinary research*, 1974, vol. 35, no 3, p. 401.
- [235] MICKELSEN, W. D., MEMON, M. A., ANDERSON, P. B., *et al.* The relationship of semen quality to pregnancy rate and litter size following artificial insemination in the bitch. *Theriogenology*, 1993, vol. 39, no 2, p. 553-560.
- [236] HOSSEIN, Mohammad Shamim, KIM, Min Kyu, JANG, Goo, *et al.* Influence of season and parity on the recovery of in vivo canine oocytes by flushing fallopian tubes. *Animal reproduction science*, 2007, vol. 99, no 3, p. 330-341.
- [237] ORTEGA-PACHECO, A., RODRIGUEZ-BUENFIL, J. C., SEGURA-CORREA, J. C., *et al.* Prevalence of fetal resorption in stray dogs in Yucatan, Mexico. *Journal of small animal practice*, 2006, vol. 47, no 5, p. 266-269.
- [238] ROWLANDS, I. W., *et al.* Some observations on the breeding of dogs. In : *Proc. Soc. Study Fertil.* 1950. p. 40-55.
- [239] FARSTAD, W. Perinatal valpedoedelighet hos hund II. Frekvens og patoanatomiske funn. *Norsk Veterinaertidsskrift*, 1983.
- [240] BOWDEN, R. S. T., HOGDMAN, S. F. T., et HIME, J. M. Neo-natal mortality in dogs. In : *Proceedings of the 17th World Veterinary Congress, Hannover.* 1963. p. 1009-1013.
- [241] HAJURKA, J., MACAK, V., HURA, V., *et al.* Spontaneous rupture of uterus in the bitch at parturition with evisceration of puppy intestine.
- [242] BLEUL, U. Risk factors and rates of perinatal and postnatal mortality in cattle in Switzerland. *Livestock Science*, 2011, vol. 135, no 2, p. 257-264.
- [243] FOX, M. W. Observations on neonatal mortality in the dog. *Journal of American Veterinary Medical Association*. 1963. 143, 1219-1223.
- [244] Le comparateur d'assurance. <http://www.lecomparateurassurance.com/103333-infographie/106107-assurance-animaux-mutuelle-chien-chat-france> (consulté le 01/10/2015).

- [245] LEMONNIER L. (2014). Le développement de réseaux de cliniques vétérinaires en France. Thèse de doctorat vétérinaire. Faculté de médecine de Créteil. 150p. <http://theses.vet-alfort.fr/telecharger.php?id=1461> (consulté le 01/10/2015).
- [246] Royal Veterinary College. VetCompass. <http://www.rvc.ac.uk/vetcompass/projects/kennel-club-charitable-trust-companion-animal-epidemiologist-at-the-rvc> (consulté le 04/06/15).
- [247] SUMMERS, Jennifer F., O'NEILL, Dan G., CHURCH, David B., *et al.* Prevalence of disorders recorded in Cavalier King Charles Spaniels attending primary-care veterinary practices in England. *Canine Genetics and Epidemiology*, 2015, vol. 2, no 1, p. 1-15.
- [248] MILA, H., GRELLET, A., FEUGIER, A., *et al.* Differential impact of birth weight and early growth on neonatal mortality in puppies. *Journal of animal science*, 2015, vol. 93, no 9, p. 4436-4442.
- [249] Chiens de race. <http://www.chiensderace.com> (consulté le 07/05/15).
- [250] Fédération Cynologique Internationale. <http://www.fci.be/fr/> (consulté le 07/05/15).
- [251] ANDERSEN, A. C. Puppy production to the weaning age. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 1957, vol. 130, no 4, p. 151.
- [252] VON SIERTS-ROTH, U. Litter size and sex ratio in Hungarian Shepherd dogs. *Zool Gart* 1956;22:204–8.

# LISTE DES ANNEXES

Annexe 1. Type de contenu du fichier de données initial par colonne .....	103
Annexe 2. Définition du format racial en fonction du poids du chien .....	104
Annexe 3. Répartition des races du fichier selon le format racial.....	105
Annexe 4. Définition des groupes FCI.....	109
Annexe 5. Répartition des races selon le groupe FCI .....	110
Annexe 6. Définition des saisons selon les mois de l'année .....	114
Annexe 7. Définition des paramètres de gestation, avortement et mise-bas pour chaque épisode de chaleur .....	115
Annexe 8. Proportion de données manquantes pour chaque paramètre.....	116

# ANNEXES

## Annexe 1. Type de contenu du fichier de données initial par colonne

Titre de colonne	Réponses possibles
ID chaleur	Chiffre compris entre 287 et 80 480
Date de début des chaleurs	Date comprise entre le 18/08/2003 et le 22/07/2211
Pays	Angleterre, Belgique, Espagne, France, Japon, Mexique
ID élevage	Exemple de numéro d'identification : A8BDB4A8-C6E5-47BC-AAA6-1DE751336A1B
ID chienne	Exemple de numéro d'identification : 9A4ADCBF-F3D3-48FA-9D49-B98DD08ABF7F
Date de naissance chienne	Date comprise entre le 02/11/1994 et le 02/11/2014
Race	299 races de chiens et de chats différentes
Femelle de l'élevage	0 si la femelle reproductrice est extérieure à l'élevage, 1 si elle fait partie de l'élevage
ID mâle	Exemple de numéro d'identification : 382031D1-E36A-42D8-A441-AEB093A1ED82
Date de naissance du mâle	Date comprise entre le 14/02/1990 et le 02/11/2014
Mâle de l'élevage	0 si le mâle reproducteur est extérieur à l'élevage, 1 s'il fait partie de l'élevage
ID saillie	Numéro compris entre 179 et 67 652
Date de saillie	Date comprise entre le 22/09/1994 et le 18/12/2021
Date d'échec de la saillie	Date comprise entre le 15/06/2009 et le 24/10/2014 ou NULL
Raison de l'échec de la saillie	Texte libre (par exemple « trop tard ! », « Le mâle ne s'y intéresse pas », « je n'en sais rien... » ou « ValidatePopupContent ») ou NULL
Date du diagnostic de gestation	Date comprise entre le 14/01/2001 et le 31/01/2015 ou NULL
Gestante	0 si le diagnostic de gestation est négatif, 1 s'il est positif, NULL s'il n'a pas eu lieu
Date d'avortement	Date comprise entre le 21/03/2006 et le 15/11/2014 ou NULL
Date de mise bas	Date comprise entre le 11/03/1995 et le 27/12/2014 ou NULL
Mâles nés vivants	Chiffre compris entre 0 et 55
Femelles nées vivantes	Chiffre compris entre 0 et 55
Mâles morts nés	Chiffre compris entre 0 et 20
Femelles morts nées	Chiffre compris entre 0 et 10
Date de la mort chiot 1, 2, ..., 10	Date comprise entre le 20/01/2003 et le 17/11/2014 ou NULL
Nombre de chiots morts (vivants à la naissance)	Chiffre compris entre 0 et 42
Nombre de chiots vendus	Chiffre compris entre 0 et 110
Nombre de chiots donnés	Chiffre compris entre 0 et 31
Nombre de chiots quittant l'élevage	Chiffre compris entre 0 et 9
Nombre de chiots dans l'élevage	Chiffre compris entre 0 et 30

Annexe 2. Définition du format racial en fonction du poids du chien

<b>Format racial</b>	<b>Poids (kg)</b>
Mini	1 à 10
Medium	11 à 25
Maxi	26 à 44
Giant	Plus de 45

### Annexe 3. Répartition des races du fichier selon le format racial

#### *a. Format Mini*

Affenpinscher	King charles spaniel
Bichon à poil frise	Lhasa apso
Bichon bolonais	Norfolk terrier
Bichon havanais	Parson russel terrier
Bichon maltais	Petit brabancon
Border terrier	Petit chien lion
Boston terrier	Petit levrier italien
Bouledogue francais	Petit spitz
Bulldog	Pinscher nain
Cairn terrier	Podengo portugais petit
Caniche nain	Ratier de prague
Caniche toy	Russkiy toy
Carlin	Schipperke
Cavalier king charles spaniel	Schnauzer nain
Chien chinois a crete	Scottish terrier
Chien de berger des pyrenees a face rase	Shetland
Chien de berger des pyrenees a poil long	Shih tzu
Chien nu du perou moyen	Silky terrier
Chien nu du perou petit	Skye terrier
Chien nu mexicain	Spitz italien
Chihuahua	Spitz japonais
Coton de tular	Spitz moyen
Dandie dinmont terrier	Spitz nain
English toy terrier	Teckel à poil dur
Epagneul japonais	Teckel à poil long
Epagneul nain continental papillon	Teckel à poil ras
Epagneul nain continental phalene	Teckel nain à poil dur
Epagneul pekinois	Terrier bresilien
Epagneul tibetain	Terrier de boston moyen
Fox terrier a poil dur	Terrier tcheque
Fox terrier a poil lisse	Welsh terrier
Griffon belge	West highland white terrier
Griffon bruxellois	Whippet
Jack russel terrier	Yorkshire terrier
Jagdterrier	

*b. Format Medium*

Airedale terrier	Cocker anglais
American staffordshire terrier	Colley a poil long
Anglo francais de petite venerie	Cursinu
Ariegeois	Epagneul bleu de picardie
Azawakh	Epagneul breton
Basenji	Epagneul de pont audemer
Basset artisien normand	Epagneul de saint usage
Basset bleu de gascogne	Epagneul francais
Basset des alpes	Eurasier
Basset fauve de bretagne	Field spaniel
Beagle	Grand basset griffon vendeen
Beagle harrier	Griffon bleu de gascogne
Bearded collie	Griffon d'arret a poil dur - korthals
Berger australien kelpie	Griffon fauve de bretagne
Berger australien shepherd	Griffon nivernais
Berger picard	Husky siberien
Berger polonais de plaine	Kerry blue terrier
Border collie	Levrier afghan
Bouvier de l'appenzell	Petit basset griffon vendeen
Bouvier Australien	Petit bleu de gascogne
Bouvier de l'entlebuch	Petit chien courant suisse type bernois
Braque de l'ariege	Petit chien courant suisse type bruno du jura
Braque du bourbonnais	Petit gascon saintongeois
Braque francais type pyrenees	Petit munsterlander
Briquet griffon vendeen	Pinscher allemand
Bruno du jura	Podenco ibicenco (chien de garenne)
Bull terrier	Porcelaine
Bull terrier miniature	Retriever de la nouvelle ecosse
Caniche moyen	Saluki
Caniche royal	Samoyede
Chien courant italien	Schapendoes
Chien courant slovaque	Schnauzer moyen
Chien d'arret portugais	Setter irlandais rouge
Chien de berger catalan	Setter irlandais rouge et blanc
Chien de berger islandais	Shar pei
Chien de canaan	Shiba inu
Chien de rouge de baviere	Sloughi
Chien de rouge de hanovre	Spitz loup
Chien d'eau espagnol	Springer spaniel
Chien d'eau romagnol	Staffordshire bull terrier
Chien d'elan norvegien	Terrier du tibet
Chien d'oysel	Terrier irlandais
Chien finnois de laponie	Welsh corgi cardigan
Chien suedois de laponie	Welsh corgi pembroke
Chow chow	Welsh springer spaniel
Cocker americain	



*c. Format Maxi*

Aidi - chien de l'Atlas	Chien de berger roumain des Carpathes
Akita americain	Chien de saint Hubert
Akita inu	Chien loup de Saarloos
Barbu tcheque	Chien loup tcheque
Barzoi	Cimarron uruguayen
Basset hound	Clumber spaniel
Berger allemand	Dalmatien
Berger allemand poil long	Dobermann
Berger belge groenendael	Dogue argentin
Berger belge laekenois	Dogue de Majorque
Berger belge malinois	Dogue des Canaries
Berger belge tervueren	Drahthaar
Berger blanc suisse	Epagneul picard
Berger Bosnie herzegovine et Croatie	Esquimau du Groenland
Berger de beauce	Galgo espagnol
Berger de brie	Golden retriever
Berger du caucase	Grand anglo-francais blanc et orange
Berger hollandais à poil court	Grand anglo-francais tricolore
Berger hollandais à poil long	Grand bouvier suisse
Berger yougoslave	Grand gascon saintongeois
Bobtail	Greyhound
Bouledogue americain	Hovawart
Bouvier des flandres	Labrador retriever
Boxer	Malamute d'Alaska
Braque allemand à poil court	Old english bulldog
Braque d'auvergne	Pointer
Braque de weimar à poil long	Poitevin
Braque de weimar à poil ras	Rafeiro de Alentejo
Braque francais type gascogne	Retriever à poil plat
Braque hongrois à poil court	Rhodesian ridgeback
Braque hongrois à poil dur	Schnauzer geant
Cao de fila de Sao Miguel	Setter anglais
Chien d'arret allemand à poil long	Setter gordon
Chien d'artois	Stichelharr
Chien de berger de podhale - tatra	

*d. Format Giant*

Berger d'Anatolie  
Bouvier bernois  
Bullmastiff  
Cane corso - chien de cour italien  
Chien de montagne des Pyrénées  
Dogue allemand  
Dogue de Bordeaux  
Dogue du Tibet  
Fila brasileiro  
Komondor

Landseer  
Leonberg  
Levrier irlandais - irish wolfhound  
Mastiff  
Matin des Pyrénées  
Matin napolitain  
Rottweiler  
Saint Bernard  
Terre-neuve

#### Annexe 4. Définition des groupes FCI

<b>Groupe</b>	<b>Définition</b>
1	Chiens de berger et de bouvier (sauf chiens de bouvier suisses)
2	Chiens de type Pinscher et Schnauzer - Molossoïdes et chiens de montagne et de bouvier suisses et autres races
3	Terriers
4	Teckels
5	Chiens de type Spitz et de type primitif
6	Chiens courants, Chiens de recherche au sang et Races apparentées
7	Chiens d'arrêt
8	Chiens rapporteurs de gibier - Chiens leveurs de gibier - Chiens d'eau
9	Chiens d'agrément et de compagnie
10	Lévriers

## Annexe 5. Répartition des races selon le groupe FCI

### *a. Groupe 1*

Bearded collie	Border collie
Berger allemand	Bouvier australien
Berger allemand poil long	Bouvier des Flandres
Berger australien kelpie	Chien de berger catalan
Berger australien shepherd	Chien de berger de Podhale - tatra
Berger belge Groenendael	Chien de berger des Pyrénées à face rase
Berger belge Laekenois	Chien de berger des Pyrénées à poil long
Berger belge Malinois	Chien de berger roumain des Carpathes
Berger belge Tervueren	Chien loup de Saarloos
Berger blanc suisse	Chien loup tchèque
Berger de Beauce	Colley à poil long
Berger de Brie	Komondor
Berger hollandais à poil court	Schapendoes
Berger hollandais à poil long	Schipperke
Berger picard	Shetland
Berger polonais de plaine	Welsh corgi Cardigan
Bobtail	Welsh corgi Pembroke

### *b. Groupe 2*

Affenpinscher	Dogue des Canaries
Aïdi - chien de l'Atlas	Dogue du Tibet
Berger Bosnie Herzégovine et Croatie	Fila brasileiro
Berger d'Anatolie	Grand bouvier suisse
Berger du Caucase	Hovawart
Berger yougoslave	Landseer
Bouvier de l'Appenzell	Leonberg
Bouvier bernois	Mastiff
Bouvier de l'Entlebuch	Matin des Pyrénées
Boxer	Matin napolitain
Bulldog	Pinscher allemand
Bullmastiff	Pinscher nain
Cane corso - chien de cour italien	Rafeiro de Alentejo
Cao de Fila de São Miguel	Rottweiler
Chien de montagne des Pyrénées	Saint Bernard
Cimarron uruguayen	Schnauzer géant
Dobermann	Schnauzer moyen
Dogue allemand	Schnauzer nain
Dogue argentin	Shar pei
Dogue de Bordeaux	Terre-neuve
Dogue de Majorque	

*c. Groupe 3*

Airedale terrier  
American staffordshire terrier  
Border terrier  
Bull terrier  
Bull terrier miniature  
Cairn terrier  
Dandie dinmont terrier  
English toy terrier  
Fox terrier a poil dur  
Fox terrier a poil lisse  
Jack russel terrier  
Jagdterrier  
Kerry blue terrier

Norfolk terrier  
Parson russel terrier  
Scottish terrier  
Silky terrier  
Skye terrier  
Staffordshire bull terrier  
Terrier bresilien  
Terrier irlandais  
Terrier tcheque  
Welsh terrier  
West highland white terrier  
Yorkshire terrier

*d. Groupe 4*

Teckel à poil dur  
Teckel à poil long

Teckel à poil ras  
Teckel nain à poil dur

*e. Groupe 5*

Akita americain  
Akita inu  
Basenji  
Chien de berger islandais  
Chien de canaan  
Chien d'elan norvegien  
Chien finnois de laponie  
Chien nu du perou moyen  
Chien nu du perou petit  
Chien nu mexicain  
Chien suedois de laponie  
Chow chow  
Eurasier

Husky siberien  
Malamute d'alaska  
Petit spitz  
Podenco ibicenco (chien de garenne)  
Podengo portugais petit  
Samoyede  
Shiba inu  
Spitz italien  
Spitz japonais  
Spitz loup  
Spitz moyen  
Spitz nain

*f. Groupe 6*

Anglo français de petite venerie  
Ariegeois  
Basset artésien normand  
Basset bleu de gascogne  
Basset des alpes  
Basset fauve de bretagne  
Basset hound  
Beagle  
Beagle harrier  
Briquet griffon vendeen  
Bruno du jura  
Chien courant italien  
Chien courant slovaque  
Chien d'artois  
Chien de rouge de baviere  
Chien de rouge de hanovre  
Chien de saint hubert

Dalmatien  
Grand anglo-français blanc et orange  
Grand anglo-français tricolore  
Grand basset griffon vendeen  
Grand gascon saintongeais  
Griffon bleu de gascogne  
Griffon fauve de bretagne  
Griffon nivernais  
Petit basset griffon vendeen  
Petit bleu de gascogne  
Petit chien courant suisse type bernois  
Petit chien courant suisse type bruno du jura  
Petit gascon saintongeais  
Poitevin  
Porcelaine  
Rhodesian ridgeback

*g. Groupe 7*

Barbu tcheque  
Braque allemand à poil court  
Braque d'auvergne  
Braque de l'ariege  
Braque de weimar à poil long  
Braque de weimar à poil ras  
Braque du bourbonnais  
Braque français type gascogne  
Braque français type pyrenees  
Braque hongrois à poil court  
Braque hongrois à poil dur  
Chien d'arrêt portugais  
Chien d'arrêt allemand à poil long  
Drahthaar

Epagneul bleu de picardie  
Epagneul breton  
Epagneul de pont audemer  
Epagneul français  
Epagneul picard  
Griffon d'arrêt à poil dur - korthals  
Petit munsterlander  
Pointer  
Setter anglais  
Setter gordon  
Setter irlandais rouge  
Setter irlandais rouge et blanc  
Stichelharr

*h. Groupe 8*

Chien d'eau espagnol  
Chien d'eau romagnol  
Chien d'oyse  
Clumber spaniel  
Cocker américain  
Cocker anglais  
Field spaniel

Golden retriever  
Labrador retriever  
Retriever à poil plat  
Retriever de la nouvelle écosses  
Springer spaniel  
Welsh springer spaniel

*i. Groupe 9*

Bichon a poil frise  
Bichon bolonais  
Bichon havanais  
Bichon maltais  
Boston terrier  
Bouledogue francais  
Caniche moyen  
Caniche nain  
Caniche royal  
Caniche toy  
Carlin  
Cavalier king charles spaniel  
Chien chinois a crete  
Chihuahua  
Coton de tular  
Epagneul japonais

Epagneul nain continental papillon  
Epagneul nain continental phalene  
Epagneul pekinois  
Epagneul tibetain  
Griffon belge  
Griffon bruxellois  
King charles spaniel  
Lhassa apso  
Petit brabancon  
Petit chien lion  
Ratier de prague  
Russkiy toy  
Shih tzu  
Terrier de boston moyen  
Terrier du tibet

*j. Groupe 10*

Azawakh  
Barzoi  
Galgo espagnol  
Greyhound  
Levrier afghan

Levrier irlandais - irish wolfhound  
Petit levrier italien  
Saluki  
Sloughi  
Whippet

*k. Non reconnu*

Bouledogue americain  
Cursinu  
Epagneul de saint usuge  
Esquimau du groenland  
Old english bulldog

Annexe 6. Définition des saisons selon les mois de l'année

<b>Saison</b>	<b>Mois de l'année</b>
Printemps	Avril, Mai, Juin
Eté	Juillet, Août, Septembre
Automne	Octobre, Novembre, Décembre
Hiver	Janvier, Février, Mars



Annexe 7. Définition des paramètres de gestation, avortement et mise-bas pour chaque épisode de chaleur

<b>Paramètre</b>	<b>Conditions à remplir pour contenir 1</b>
Gestation	Diagnostic de gestation positif (1 dans la colonne « Gestante ») OU Date d'avortement (différente de NULL) OU Date de mise-bas (différente de NULL)
Avortement	Date d'avortement (différente de NULL) OU Intervalle Saillie-Mise-bas compris entre 20 et 55 jours OU Diagnostic de gestation positif et pas de date de mise-bas (NULL)
Mise-bas	Date de mise-bas (différente de NULL) OU Nombre de chiots nés différent de 0

Annexe 8. Proportion de données manquantes pour chaque paramètre

<b>Paramètre</b>	<b>Pourcentage de données manquantes</b>
Âge de la chienne	1,0%
Âge du chien	1,6%
Intervalle de saillie	12,9%
Saison de mise-bas	0%
Taille de portée	0,1%
Nombre de chiots mâles nés vivants	0,02%
Nombre de chiots femelles nés vivants	0,03%
Nombre de chiots nés vivants	0,09%
Nombre de chiots morts après la naissance	0,005%
Nombre total de chiots morts	0,005%

Il n'y avait pas de données manquantes pour les autres paramètres.